

18/5/5
DIALOG(R)File 351:Derwent WPI
(c) 2001 Derwent Info Ltd. All rts. reserv.

009832032

WPI Acc No: 1994-111888/199414
Related WPI Acc No: 1992-351464
XRAM Acc No: C94-051516
XRFX Acc No: N94-087601

Expression of human protein disulphide isomerase gene - used to prepare polypeptide in high yield

Patent Assignee: TONEN CORP (TOFU)

Number of Countries: 001 Number of Patents: 001

Patent Family:

Patent No	Kind	Date	Applicat No	Kind	Date	Week
JP 6038771	A	19940215	JP 91114074	A	19910418	199414 B

Priority Applications (No Type Date): JP 90295017 A 19901031

Patent Details:

Patent No	Kind	Lan Pg	Main IPC	Filing Notes
JP 6038771	A	30	C12N-015/61	

Abstract (Basic): JP 6038771 A

A linked gene for the expression of human protein disulphide isomerase (hPDI) consists of a DNA coding human serum albumin prepro-sequence and hPDI gene.

A replicable expression vector which can express the above linked gene in a host, a transformant prep'd. by transforming a host by the above expression vector, the prep'n. of a recombinant hPDI in which the above linked gene is expressed in the above transformant, a recombinant hPDI prep'd. by the above method, a transformant contg. the linked gene and an exotic gene coding a polypeptide controlling the production are also claimed.

The prep'n. of a polypeptide uses the hPDI gene and the exotic gene coding the polypeptide aiming the production are co-expressed in the above transformant, and the polypeptide is recovered.

Dwg. 0/8

Title Terms: EXPRESS; HUMAN; PROTEIN; DI; SULPHIDE; ISOMERASE; GENE; PREPARATION; POLYPEPTIDE; HIGH; YIELD

Derwent Class: B04; D16; S03

International Patent Class (Main): C12N-015/61

International Patent Class (Additional): C07K-003/20; C12N-001/19; C12N-009/90

File Segment: CPI; EPI

(19)日本国特許庁 (JP)

(12) 公開特許公報 (A)

(11)特許出願公開番号

特開平6-38771

(43)公開日 平成6年(1994)2月15日

(51)Int.Cl. ⁵	識別記号	序内整理番号	F I	技術表示箇所
C 12 N 15/61	Z NA	8517-4H		
C 07 K 3/20		7236-4B		
C 12 N 1/19		9161-4B		
9/90		8931-4B	C 12 N 15/00	Z NA A

審査請求 未請求 請求項の数15(全30頁) 最終頁に続く

(21)出願番号	特願平3-114074	(71)出願人	390022998 東燃株式会社 東京都千代田区一ツ橋1丁目1番1号
(22)出願日	平成3年(1991)4月18日	(72)発明者	早野 俊哉 埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡一丁目3番1号 東燃株式会社総合研究所内
(31)優先権主張番号	特願平2-295017	(72)発明者	加藤 世都子 埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡一丁目3番1号 東燃株式会社総合研究所内
(32)優先日	平2(1990)10月31日	(72)発明者	高橋 信弘 埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡一丁目3番1号 東燃株式会社総合研究所内
(33)優先権主張国	日本 (JP)	(74)代理人	弁理士 久保田 耕平 (外3名) 最終頁に続く

(54)【発明の名称】ヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子の発現方法および該遺伝子との共発現によるポリペプチドの製造方法

(57)【要約】

【目的】プロテインジスルフィドイソメラーゼ(PDI)遺伝子の発現、及び該遺伝子と有用ポリペプチドをコードする外来遺伝子との共発現を提供する。

【構成】この発明は、ヒト血清アルブミンプロペプチドをコードするDNAとヒトPDI遺伝子とから成る新規の連結遺伝子を発現ベクターに組み込み、宿主細胞を形質転換させ、発現させることによるPDIの製造方法、並びに、共発現可能な該連結遺伝子と有用ポリペプチドをコードする外来遺伝子とを含む形質転換体を共発現させることによる該ポリペプチドの製造方法を特徴とする。

【効果】ヒトPDIの大量生産法が確立され、及び同一細胞内でのヒトPDI遺伝子との共発現により有用ポリペプチドの生産効率の向上が可能となった。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 ヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ発現用の、ヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードするDNAとヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子とからなる連鎖遺伝子。

【請求項2】 配列番号2に示される-24番目～+491番目のアミノ酸配列をコードする塩基配列から成る、ヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ発現用の、ヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードするDNAとヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子とからなる連鎖遺伝子。

【請求項3】 前記塩基配列が配列番号2に示される1番目～1545番目の配列から成ることを特徴とする請求項2記載の連鎖遺伝子。

【請求項4】 請求項1～3のいずれか一項に記載の連鎖遺伝子を宿主内で発現させ得る複製可能な発現ベクター。

【請求項5】 請求項4記載の発現ベクターで宿主を形質転換して得られる形質転換体。

【請求項6】 宿主が酵母である請求項5記載の形質転換体。

【請求項7】 請求項1～3のいずれか一項に記載の連鎖遺伝子を請求項5又は6記載の形質転換体内で発現させることを特徴とする組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼの製造方法。

【請求項8】 請求項1～3のいずれか一項に記載の連鎖遺伝子を宿主内で発現させ得る複製可能な発現ベクターを構築し、宿主を前記発現ベクターで形質転換して形質転換体を得、前記連鎖遺伝子を発現させ得る条件下で、前記形質転換体を培養して組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼを分泌させ、前記組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼを回収することを特徴とする請求項7記載の方法。

【請求項9】 分泌された前記組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼを、疎水性カラムクロマトグラフィーによって分離回収することを特徴とする請求項8記載の方法。

【請求項10】 請求項7～9のいずれか一項に記載の方法によって得られる、配列番号3に示される1番目～491番目のアミノ酸配列から成る組換えヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ。

【請求項11】 共発現可能な請求項1～3のいずれか一項に記載の連鎖遺伝子と生産を目的とするポリペプチドをコードする外来遺伝子とを含む形質転換体。

【請求項12】 形質転換体が形質転換酵母である請求項1記載の形質転換体。

【請求項13】 外来遺伝子がヒト血清アルブミンをコードする遺伝子である請求項1記載の形質転換体。

10 10

【請求項14】 請求項1～13のいずれか一項に記載の形質転換体内で、ヒトプロテインジスルフィドイソメラーゼ遺伝子と生産を目的とするポリペプチドをコードする外来遺伝子とを共発現させて該ポリペプチドを產生させ、及び該ポリペプチドを回収することを特徴とするポリペプチドの製造方法。

【請求項15】 ポリペプチドがヒト血清アルブミンである請求項14記載の方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】 本発明は、ポリペプチド中のジスルフィド結合の交換反応を触媒することによりポリペプチドの高次構造形成を促進する酵素プロテインジスルフィドイソメラーゼをコードする遺伝子の発現に関する。さらに本発明は、該遺伝子と有用ポリペプチドをコードする外来遺伝子との共発現に関する。

【0002】

【従来の技術】 *in vitro* での変性蛋白質の再構成 (Refolding) 実験の結果より、ポリペプチドのフォールディング速度を律速する反応として、ジスルフィド結合の異性化とプロリンペプチドの異性化反応があることが知られ (Freedman, *Cell* 57, 1069-1072, 1989; Fisher & Schmid, *Biochemistry* 29, 2205-2212, 1990) 、フォールディング反応におけるこれらの違い反応を触媒する酵素として、後者には、ペプチジルプロリルシストラヌスイソメラーゼ (PPI) が、前者にはプロテインジスルフィドイソメラーゼ (PD1) とオホレキシングなどが見い出されている。 *In vitro* の実験では、これらの酵素が、変性蛋白質の再構成の速度を促進することが示され、遺伝子工学的に生産された不活性蛋白質の *in vitro* での再構成への利用が考えられている (Schein, *Bio/Technology* 7, 1141-1148, 1989; 糸高重三、日本農芸化学会誌 64, 1035-1038, 1990)。

【0003】 PD1 は、可溶性で、哺乳類の肝臓から比較的容易に単離され、その触媒としての性質が詳細に調べられている。PD1 は、オオール/ジスルフィド結合の交換反応を触媒し、蛋白質基質のジスルフィド結合の形成・異性化・あるいは還元を行うことができる (Freedman, *Cell* 57, 1069-1072, 1989)。PD1 は *in vitro* 40 では RNaseなどの單一ドメインからなる蛋白質や、血清アルブミンなどの多量ドメインからなる蛋白質などの分子内でのジスルフィド結合の形成や交換反応を促進したり、又は免疫グロブリンやプロコラーゲンなどのようなサブユニット構造を持つ蛋白質の分子間でのジスルフィド結合の形成などの反応を促進することが知られている (Freedman, *Nature* 329, 196, 1987)。

【0004】 哺乳類由来の PD1 は、通常分子量約 5 万 7 千からなるポリペプチドのホモダイマーとして存在し、きわめて酸性度の高い pI 値 (pI 4.2-4.3) を持

50 50 つている。

【0005】ラットの肝臓由来のPDIについて、その遺伝子が単離され、その遺伝子の塩基配列よりPDIのアミノ酸配列が推定され、PDIが2種類の相同性単位からなる分子内重複構造を持つことが示されている。2種の相同性単位のうち一種については、オレドキシシンのアミノ酸配列と相同性があることが見出され、類似の活性部位アミノ酸配列を持つと考えられている(Edmann et al., *Nature* 317, 267-270, 1985)。オレドキシシンは、*in vivo*でインシュリンのジスルフィド結合を還元したり、RNaseのジスルフィド結合の交換反応を促進することができ、*in vivo*での蛋白質のフォールディング過程でPDIと同様の働きをすることが示唆されている(Pigiet & Schuster, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 83, 7643-7647, 1986)。

【0006】PDIの生体内での存在量は、組織の種類や細胞の分化段階の違いによって異なるが、このことと、分泌するある特定の蛋白質の存在との間に相関性があること、そして、蛋白質の分泌の際に通過するところが知られている。小胞体内部にPDIが豊富に局在化していることなどから、細胞内においてもPDIが、新しく合成される分泌蛋白質のジスルフィド結合の形成に関与していると推定されている。このことは、無細胞蛋白質合成系を用い、モデル系として α -グリアジンの合成を行い、この時、PDIを洗い流した小胞体分画だけでは α -グリアジンの翻訳に共役したジスルフィド結合の形成はほとんど起らないが、PDIを加えると、ジスルフィド結合の形成能が回復するという結果によって支持されている(Bulleid & Freedman, *Nature*, 335 649-651, 1988)。

【0007】PDIについては、ジスルフィド結合の形成への関与以外に、蛋白質の翻訳後の他の修飾反応にも関わっている証拠が得られている。例えば、PDIは、プロコラーゲンのプロリン残基を水酸化するプロリル-4-ハイドロキシラーゼの触媒ユニットである β -サブユニットや、合成蛋白質のN-グリコシル化の過程で、糖鎖を付加されるペプチドのシグナル配列 Asn-X-Ser/Thrを認識するグリコシル化部位結合蛋白質(Pihlajaniemi et al., *EMBO J.* 6, 643-649 1987; Geelha-Habib et al., *Cell* 54, 1060-1060 1988)、さらにまた、甲状腺ホルモン結合蛋白質(*triiodo-L-thyronine binding protein*)(Cheng et al. *J. Biol. Chem.* 262, 11221-11227, 1987)などの同一性が示され、PDI分子の蛋白質の修飾反応における多機能性が示唆されている。これら的事実に加え、PDI分子とは異なる分子種であるが、アミノ酸配列上において相同性がある分子種も見い出されている。それらの例としてはPDIの活性部位と考えられているアミノ酸配列と相同性がある配列を持ち、ジスルフィド結合の異性化を触媒することが見い出されたフォリトロビン(Folitropin) やルトロビン(Lutropin)などの性腺刺激ホルモンや(Bonifac & Reiche

et al., *Science* 247, 61-64, 1990)、ホスファチジルイノシトール4,5-ビスホスフェイトを1,2-ジアシルグリセロールとイノシトール1,4,5-トリホスフェートに加水分解する酵素でありその分子内にPDIと相同性を持つ領域が存在するホスホリバーゼCなども知られ(Bennet et al., *Nature* 334, 268-270, 1988)、PDIやPDI様分子の細胞内外でのきわめて広範な生命現象への関りが考えられている。

【0008】以上のように広範な働きが示唆されているが、PDIの主な効果は分子内及び分子間のジスルフィド結合の異性化を触媒し、天然の高次構造を持った蛋白質(及び集合体)を生じさせることと考えられている。しかししばしば、ほとんど化学量論的な量のPDIが最適な反応速度を実現するために必要とされる。従って、ジスルフィドイソメラーゼ活性が低い場合には、蛋白質分子内及び分子間でのジスルフィド異性化速度が低く、従って適切なジスルフィド結合を有する蛋白質の形成の効率が低いことが予想される。種々の真核生物由来の蛋白質(特に分泌蛋白質類)が、大腸菌内で不溶化分子集合体を形成する原因の1つがこのジスルフィドイソメラーゼ活性の低さにあると考えることも可能である。大腸菌では、ジスルフィド還元酵素としてオレドキシシンを含むが、オレドキシシンはジスルフィド還元酵素としてはPDIよりも強力であるが、イソメラーゼとしての効率はよくない。一方、分子内ジスルフィド結合は、分泌蛋白質に高頻度にみられることから、分泌能の高い細胞あるいは組織においてジスルフィド異性化を介したジスルフィド結合活性が高いことが予想されるが、実際にラットの種々の組織の相対的なPDI mRNA含量の比較(肝臓>腎臓、腎臓>肺>精巢、肺臓>心臓>脳の順)からこのことが強く示唆されている(Edmannら, *Nature* 314, 267-270, 1985)。

【0009】また、還元された状態の環境が蛋白質合成の場として与えられた場合には、適切なフォールディングのために必要とされるジスルフィド結合の形成は阻害されるであろう。このような環境は、例えば、コンバートメントがないような原核生物の細胞内で生じる。このような点を考えると、原核生物細胞と真核生物細胞では、ジスルフィド結合形成に関わる因子とそれを可能にさせる環境とが異なるのかもしれない。組換えDNA技術を用いて、有用な蛋白質(その多くは分泌性の蛋白質である)を産生させようとするとき、その蛋白質に適した条件でジスルフィド結合の形成をおこなわせる必要がある。そのためには、宿主細胞内の環境(適切なコンバートメント)が実現しなければならないであろうし、その環境(コンバートメント)に親和性の高いジスルフィド形成(ジスルフィド異性化)酵素が多量に存在しなければならないであろう。

【0010】これら二つの点は組換えDNA技術を用いて、ジスルフィド結合を有する蛋白質を効率よく産生さ

せる際に最も注意しなければならない点と考えられる。
【0011】しかしながら、今まで *in vivo* の系でプロテインジルフィトイソミラーゼを適切なコンパートメントで多量にそして、目的とする有用蛋白質と共存させつつそれにも働かせる系は存在していない。

【0012】

【発明が解決しようとする問題点】*in vitro* での変性蛋白質の再構成への利用又是、細胞内での分泌蛋白質の生産率向上への利用等が考えられているにもかかわらず、該酵素の入手は議器からの直接的精製に限られていました。各種細胞での他種由来の PDI の発現はいまだなされておらず、遺伝子工学的に生産する手段、他の有用ボリペプチドの遺伝子と共役させることによってその生産効率を挙げる手段等は確立されていなかった。

【0013】本発明は、ヒト PDI 発現用のヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードする DNA とヒト PDI 遺伝子とからなる連続遺伝子、該連続遺伝子を宿主内で発現させ得る発現ベクター、該ベクターで宿主で形質転換された形質転換体、該形質転換体内で該連続遺伝子を発現させることによる組換えヒト PDI の製造方法及び組換え PDI を提供することを目的とする。

【0014】さらにまた、本発明は、共発現可能な該連続遺伝子と生産を目的とするボリペプチドをコードする外来遺伝子とを含む形質転換体、及び該形質転換体内でヒト PDI 及び該外来遺伝子を共発現せることによる該ボリペプチドの製造方法を提供することを目的とする。

【0015】

【問題点を解決するための手段】本発明者は、上記目的を達成するために観察研究した結果、ヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードする DNA とヒトプロテインジルフィトイソミラーゼ遺伝子とを連結した遺伝子を作製し、これを組み込んだ後発現用ベクターを見出したことにより本発明を完成させた。

【0016】以下に本発明の詳細を説明する。

【0017】ヒトプロテインジルフィトイソミラーゼ (protein disulphide isomerase; 「PDI」と略称する) cDNA をコードするクローンは、ヒト肝臓 *g111* cDNA ライブラリー及びヒト胎盤 *g111* cDNA ライブラリー (Clontech 社) から次のようにして分離される。

【0018】ヒト肝臓及びヒト胎盤 *g111* cDNA ライブラリーを大腸菌にファージ感染させ、増殖させ、ファージ DNA をフィルターに固定する。一方、ヒトプロリソーム-4-水酸化酵素 (PDI と同一タンパク質) cDNA [Pihlajaniemi, T. ら (1987) EMBO J. 6, 643] の 243 番目から 282 番目の塩基配列の相補鎖に対応する 40 mer の合成オリゴマーダNA をプローブとするハイブリダイゼーションにより陽性クローケンをスクリーニングし、そのクローケン DNA を EcoRI 消化し、得られた約 150 bp の

インサート DNA を PDI cDNA スクリーニング用プローブとする。このプローブを用いて、フィルターに固定された上記ファージ DNA をスクリーニングして、陽性クローケンを分離する。

【0019】このようにして得られた複数の陽性クローケンを EcoRI 消化して EcoRI インサート DNA 断片を得て、各クローンのインサートについて制限酵素地図を作成し、Pihlajaniemi らによる制限酵素地図と比較した結果、肝臓由来のクローケン (pHPD116) と胎盤由来のクローケン (pHPD1p4) とでヒト PDI cDNA の全長をカバーしていることが推測された。

【0020】各クローンの DNA 塩基配列を決定した結果、これらのクローケンが配列番号 1 に示される全長 2454 塩基対から成るヒト PDI cDNA をコードしていることが判明した。また、その塩基配列から推定されたアミノ酸配列は配列番号 1 に示すとおりであった。配列中、成熟ターンバク質は Asp¹ から Leu⁴¹¹ の 491 個のアミノ酸から構成されていると考えられ、Asp¹ に先行する 17 個のアミノ酸から成るペプチドはシグナルペプチドを表わしていると考えられる。

【0021】本発明は、PDI を発現・產生させるための、ヒト血清アルブミン遺伝子プレプロ配列をコードする DNA と前記ヒト PDI 遺伝子とからなる連続遺伝子を提供する。

【0022】該連続遺伝子は、例えば第 1 図 C に示すように、通常 PDI 遺伝子の上流に該プレプロ配列をコードする DNA を配置させることによって作製され得る。但し、ヒト PDI を適切なコンパートメント (小胞体と考えられている) に輸送するためのリーダー配列として 30 はヒト血清アルブミンのプレプロ配列に規定する必要はない、他のシグナル配列やプレプロ配列であってもよい。

【0023】具体的には、前記クローケン pHPD116 及び pHPD1p4 DNA を、夫々 EcoRI/PstI, PstI/BamHI で消化し、約 490 bp 及び約 1.3 kbp の DNA 断片を得、両断片を EcoRI/BamHI 消化プラスミドベクター pUC119 に連結し (pHPD1EB, Kunkel 法 [Kunkel, T.A. (1985) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82, 488]) により cDNA 上の PDI シグナル配列と PDI 本体との境界部分に制限酵素 *NaeI* 切断部位を導入し (pHPD1Nae, *NaeI/Bam* III 消化により PDI シグナル配列を含まない約 1.7 kb の PDI DNA 断片を得る)。

【0024】

一方、pUC119 を EcoRI 消化し、これに *Xba*I リンカー : 5'-ATTCCTGGAG GAGCTCTTAA-5' を連結し、*Xba*I/BamHI 消化し、これにヒト血清アルブミン (以下「HSA」と略称する) プレプロ配列を連結し (pUC119 Sig, *Stu*I/Mind III 消化し 3.2 kb の DNA 断片を得る) (HSA プレプロ配列の合成法は後述の実施

例に示される。)

【0025】 phPDINae由来の1.7kb DNA 断片とpUC 119 Sig 由来の3.2kb DNA 断片を連結し(phPDILy)、EcoRI 消化、Klenow断片による平滑化、BamHI 消化を順次行つてHSA プレプロ配列下流にヒトPDI 1本体を接続した(第2回)、リーダー配列変換型の連結遺伝子を得ることができる。

【0026】本発明の連結遺伝子の作製方法及びその構成遺伝子間の配置は、上述の方法に既定されるものではなく、PDI 1を発現させ得る能力を有するものは全て包含される。また、該連結遺伝子の類似体は本発明の範囲外であるが、ヒト以外の他の動物由来の対応遺伝子から容易に作製され得ることは自明であろう。

【0027】本発明はまた、配列番号2に示される→24番目→+491番目のアミノ酸配列をコードする塩基配列から成る該連結遺伝子を提供する。この場合、この塩基配列と実質的に同様の作用を示す遺伝子、例えば遺伝子コードの縮合に基づく該塩基配列の誘導体は全て本発明に含まれる。例えば、本発明の実施態様により、本発明は配列番号2に示される全塩基配列からなる該連結遺伝子を提供する。

【0028】本発明はさらに、本発明連結遺伝子を宿主内で発現させ得る複製可能な発現ベクターを提供する。

【0029】本発明連結遺伝子を組み込むためのベクターは、宿主内で発現可能であり且つ複数能性を有するものである。一般的には、宿主細胞と適合し得る種から誘導されたレブリコン及び制御配列を含むベクターが、宿主と関連して使用される。ベクターは、通常、形質転換された細胞中での表現型選択を可能にするマークー配列と複製部位とを保有している。

【0030】本発明の発現ベクターを構築するためのベクターとしては、例えば本出願人による特開平2-11734号公報に示されるプラスミド pJDB-ADH-HSA-A (第1回-C参照)が使用される。このプラスミドはHSA cDNAを含み、また酵母アルコールデヒドロゲナーゼI (ADH I) プロモーター、ADHターミネーター、アンピシリノ耐性遺伝子 (Amp^r)、及びleu^r遺伝子を含んでいる。そのため、このプラスミドを、XbaI消化し、Klenow断片により平滑し、BamHI 消化してHSA cDNAを除去する。得られた約8kb DNA 断片の5' 端を脱リン酸化した後、前述の本発明連結遺伝子を連結することにより、発現プラスミド (pADHPDILy)を得ることができる。もちろん、本発明の連結遺伝子を発現させ得る同等の機能を果すことができる別の種類のベクターを使用することもできる。

【0031】本発明はさらに、本発明の発現ベクターで宿主を形質転換して得られる形質転換体を提供する。

【0032】宿主としては、大腸菌、枯草菌などの原核細胞、及び酵母が挙げられ、特にプロセシングを介して成熟型PDI 1を分泌し得る宿主が好ましい。好適な宿主は酵母である。宿主酵母としては、Saccharomyces cerevisiae等が挙げられ、本発明の形質転換体の作製にあたっては特に酵母A H22株が好適に使用される。本発明の範囲外であるが、酵母以外の真核細胞(例えば、動物細胞)も宿主として使用し得ることは自明であろう。宿主細胞への発現ベクターの移入は慣用的方法で実施され、例えば、塩化カルシウム処理法、プロトプラスト(又はスフェロプラスト)一ポリエチレンギリコール法、電気穿孔法などにより容易に実施される。目的の形質転換体は、発現ベクターがpADHPDILyの場合、得られた菌体をSD(-Leu)プレート上で培養することによってスクリーニングし、取得される。

【0033】従って、本発明はまた、上述のようにして作製した形質転換体内で本発明の連結遺伝子を発現させることによる組換えヒトPDI 1の製造方法を提供する。本発明の実施態様によれば、本発明の製造方法は以下に示す段階を含む。

【0034】即ち、本発明連結遺伝子を宿主内で発現させ得る複製可能な発現ベクターを構築する段階と、宿主を前記発現ベクターで形質転換して形質転換体を得る段階と、前記連結遺伝子を発現させ得る条件下で、前記形質転換体を培養して組換えヒトPDI 1を分泌させる段階と、前記組換えPDI 1を回収する段階と、を包含する。

【0035】宿主として酵母を用いる場合には、ヒトPDI 1前駆体タンパク質がプロセシングを受けて、組換えヒトPDI 1が遺伝子産物として分泌される。もし宿主として酵母以外の例えは大腸菌、枯草菌等の微生物が用いられる場合には、プロセシングを受けていないヒトPDI 1前駆体タンパク質が得られるだろう。

【0036】遠心分離により細胞と培養培地とを分離し、必要に応じて細胞を破砕し、次に例えば界面過浄により過濾した濁液を疎水性カラムクロマトグラフィーに掛けることにより組換えヒトPDI 1を容易に精製単離することができる。このクロマトグラフィーに使用し得る疎水性カラムは特定のものに既定されるものではないが、例えばTSK-gel Phenyl-5PW疎水性カラム(東ソー)が使用され得、この場合組換えヒトPDI 1はKCI 含有ホウ酸緩衝液 (pH 8.0) 中 0.85M から 0M 硫酸アンモニウムへの直線的濃度勾配により溶出され得る(第4回)。 SDS SDS電気泳動分析(第5回)から組換えヒトPDI 1は、約55kDa の分子量を有し、またスクランブルドリボスクレアーゼAの再構成の程度を指標として定量することにより、得られた組換えヒトPDI 1はPDI活性をもつことを確認された(後述の実施例参照)。

【0037】本発明方法によって產生される組換えヒトPDI 1は、天然型のヒトPDI 1と比較してN末端アミノ酸がAspからGlyに変換されたものであった。従って、本発明は491個のアミノ酸から成る配列番号3に示されるGly¹ Leu⁴⁹¹ のアミノ酸配列から構成される組換えヒトPDI 1をも提供する。

【0038】本発明はさらに、共発現可能な、ヒトPDI

I 遺伝子とヒト血清アルブミンブレプロ配列をコードするDNAとからなる連結遺伝子と、生産を目的とするポリペプチドをコードする外来遺伝子とを含む形質転換体を提供する。

【0039】形質転換体中の該連結遺伝子と該外来遺伝子は、互に共発現可能な状態であれば、同一ゲノム上にあってもよく、又は異なるゲノム上にあってもよい。宿主細胞の形質転換は、例えば、該連結遺伝子及び該外来遺伝子を同一の又は異なるベクター内に組み込み、得られたベクターを培養カルシウム処理法、プロトプラスト（又はスフェロプラスチ）-ポリエチレンギリコール法、電気穿孔法などの慣用的方法で宿主内に移入することによって実施される。

【0040】該外来遺伝子によってコードされるポリペプチドは、増幅発現されたPDIの触媒作用（即ちポリペプチド中のジスルフィド結合の形成、交換反応等を促進する）が直接的に発揮されるために、その構造中にジスルフィド結合を含むものであれば如何なる種類のポリペプチドであってもよい。さらに、本発明は、増幅発現されたPDI活性の効果が遺伝子発現、ポリペプチドのフォールディング、輸送等に関する蛋白質に対して発揮され、それにより間接的に生産性が増大するような場合にも適用される。本発明の実施態様により、本発明はまた該外来遺伝子としてヒト血清アルブミン（HSA）をコードする遺伝子を提供する。

【0041】本明細書中、「ポリペプチド」なる用語は、短鎖及び長鎖ペプチド並びに蛋白質を含むことを意味する。

【0042】また宿主としては、大腸菌、枯草菌などの原核細胞、酵母、動物細胞などの真核細胞が挙げられる。特に、翻訳後修飾やプロセシングを介して成熟ポリペプチドを分泌し得る宿主、例えば真核細胞が好ましく、特に酵母が好ましい。

【0043】本発明はさらに、上記形質転換体内部に、ヒトPDI遺伝子と他のポリペプチドをコードする外来遺伝子とを共発現させて該ポリペプチドを產生させ、及び該ポリペプチドを回収するから成るポリペプチドの製造方法を提供する。

【0044】本発明の実施態様により、ヒトPDI発現プラスミドを用いてHSA生産酵母を形質転換して得られた酵母内にHSA及びPDIを任意の培地で共発現させた場合には、単独に発現させた場合と比べて、HSAの分泌量は平均で約60%増加した（第8図）。

【0045】理論に拘束されるつもりはないが、共発現によるHSA分泌量の増加に関しては以下のように考えられる。

【0046】HSAは、17個のジスルフィド結合を持つ蛋白質であり、かつ、*in vitro*での変性蛋白質からの再構成実験において化学量論的量のPDIの存在により、その高次構造形成が促進されることが知られている

る。

【0047】酵母HIS23株によって、HSAは可溶性分子として分泌されるが、同菌体の細胞内にもHSA分子が検出されている。SDS電気泳動法により、細胞内のHSAを分析すると、還元剤存在下ではゲル上で单一バンドとして正常なHSA分子と同一の挙動を示すのに対し、還元剤非存在下では、より分子量の大きい不連続なバンド群として検出され、明らかに正常なHSAとは異なる挙動を示す。これらの結果は、細胞内に存在するHSA分子は、分子内ジスルフィド結合が不完全に形成されているため生じると推定される。一方、PDIを共発現させた細胞では、細胞内のHSAの還元剤非存在下でのSDS電気泳動では、HSA分子は例外のPDI cDNAを共発現させていない酵母菌から得た細胞内HSA試料と比較してよりまとまったバンドとして検出されることから、PDIはHSA分子の正常なジスルフィド結合の形成を促進し、より効率的にHSA分子の高次構造形成を補助していると推定される。このことによつて、例えば、不安定な構造を持つHSAの細胞内での会合や、プロテアーゼによる分解がより少なくなるため分泌量が増加していると思われる。

【0048】また、PDIを共発現させた場合とさせない場合でのHIS23株細胞内のHSAのmRNA存在量をNorthernプロット法により比較すると、PDI遺伝子を発現させた場合にHSAのmRNA量が増加している。このことは、PDIが直接HSA分子に作用している可能性だけでなく、HSA遺伝子の転写レベルにも影響を与える可能性をも示唆している。しかし、小胞体への膜移行過程を介する細胞内輸送に働くヒト血清アルブミンのリーダー配列の融合によってヒトPDIが多量に酵母菌から分泌されたこととHSAの分泌量が増加したこととが相關していることから、PDIは、小胞体においてHSAと共に、直接HSAに作用したことがHSAの産生レベルを上昇させた主要因であると考えたほうがより単純であるように見える。さらに、HIS23株より分泌されたHSAとPDIの量をみると、PDIはHSAの数倍分泌されており、さらに細胞内に検出されるヒトPDIレベルも高いことから、変性HSAの*in vitro*での再構成において促進効果を示すに必要なPDI量が十分に該酵母菌小胞体でも確保されているものと推定される。このこととまた、PDIがHSAに直接作用していることを支持しているように見える。

【0049】このように、HSAの例でPDIの共発現によってその分泌量の増加効果が得られ、その効果がPDIが直接HSAの高次構造形成に働いている可能性が高いことから、より一般的に、ジスルフィド結合の形成が、高次構造の形成や安定化に寄与している分泌蛋白質全般についても同一細胞内でPDIを高濃度に増幅発現させることにより同様の分泌量の増加効果が期待できる

考えられる。

【0050】以下の実施例により、さらに本発明を説明するが、本発明はこれらの実施例に限定されるものではない。

【0051】

【実施例】

ヒトPDI (protein disulphide isomerase)cDNAのクローニング

ヒト肝臓 λ gt11cDNAライブラリー (Clontech社) 約100,000 クローンを 0.2% のマルトースを含む LB 培地 (1% バクトトリpton、 1% NaCl および 0.5% イーストエキストラクト) で 37°C 一晩培養した大腸菌 Y1090株培養液 500ml と混合し、これに 1M NaCl; 5 μ l を加え 37°C で 10 分間加温することによりファージを大腸菌に感染させた。これを 50ml の LB 上層寒天培地 (LB 培地、 10mM MgCl₂ および 0.7% アガロース) に加え混合後、 23cm \times 23cm プレート中の LB 寒天培地に上にいた。上層寒天培地を固めた後、 37°C で一晩培養しファージを増殖させた。得られたファージをフィルター (Hybond-N, Amersham社) に移し、アルカリ溶離法 (Whatman 社) 上に、ファージの付着面を上に向けて 1 分間置き、続いて中和溶液 [1M Tris-HCl (pH7.5) および 1M NaCl] に浸した同紙上に 1 分間置いた。さらにフィルターを 2×SSC 液 (20 \times SSC = 3M NaCl および 0.3M クエン酸三ナトリウム) で洗浄、風乾後、UV 照射を 2 分間行うことによりファージDNAをフィルターに固定した。こうして得られたフィルターを用いて以下の手順に従ってヒトPDI cDNAのスクリーニングを行った。

【0052】プローブには、ヒトプロリン 4-水酸化酵素 (PDI と同二名) 買質 cDNA [Pihlajaniemi, T. et al. (1987) EMBO J., 6, 643] の 243番目から 2 82番目の塩基配列の相補鎖に対応する 40mer のオリゴマードNA (5' -TGGCGTCCACCTGGCCAACCTGATCTCGGAACTT TCTGC-3') を、自動DNA合成機 (Applied Biosystems社) を用いて合成したものを使いた。

【0053】合成DNA (20pmoles) を 50mM Tris-HCl (pH7.5) ; 10mM MgCl₂ ; 5mMジオキソライトール、 10 μ l [7-³²P] ATP [3000Ci/mmol, Amersham社] および 12単位の T4 ポリヌクレオチドキナーゼ (宝酒造社) を含む液 50 μ l 中で 37°C 60 分間反応させることによりその 5' 端をリシン酸化標識した。上記のフィルターをプレハイブリダイゼーション液 (5 \times デンハルト液 (100 \times デンハルト液 = 2% ウシ清血アルブミン、 2% フィコール 400 および 2% ポリビニルビロリドン) 、 1M NaCl 、 50mM Tris-HCl (pH 7.5) 、 10mM EDTA (pH8.0) 、 0.1% ドデシルザルコシン酸ナトリウムおよび 20 μ g/ml の超音波処理をしたサケ精子DNA] に 37°C 1 時間浸したあと、ハイブリダイゼーション液 (ブレハイブリダイゼーション液に約 10⁶ cpm/ml の上記標

識DNAを含む液) 中に 37°C 1 時間浸した。このフィルターを 2 \times SSC 液を用いて室温で洗浄し、さらに 2 \times SSC、 0.1% ドデシルザルコシン酸ナトリウム液で 42°C 30 分間洗浄した後 X線フィルム (XAR-5, Kodak 社) に -80°C で一晩露光させた。フィルムの現像の結果、 1 次スクリーニングで 8 つの陽性シグナルを得た。これらのシグナルに対応する位置にあるファージを上記プレートからゲル切片として切り取り 1 ml の SM 液平衡液 [100mM NaCl, 10mM MgCl₂ , 50mM Tris-HCl (pH7.5) および 0.01% ゼラチン] に浸し、 4°C で一晩静置することにより、ゲル中のファージを液中に回収した。このようして得られた 8 種の 1 次スクリーニング陽性ファージについて、それぞれ 1 次スクリーニングと同様の条件で 2 次スクリーニングを行った結果 1 つのみが陽性クローニングとして残った。このクローニングについてさらに 3 次スクリーニングを行い完全に単一の陽性クローニングとして分離した。

【0054】得られた陽性クローニングのファージDNAを Leader の方法 [Leader, P., Tlemecir, D. & Enquist, L. (1997) Science 196, 175] により調製した。得られた

ファージDNAの 1/5量を溶液 [100mM Tris-HCl (pH7.5) 、 100mM NaCl 、 6mM MgCl₂ 、 6mM メルカプトエタノール、 0.1% ゼラチン、 20 μ g/ml リボヌクレアーゼ A および 20 単位の EcoRI] (ニッポンジーン社)] 50 μ l 中で 37°C 1 時間消化後、 0.8% アガロースゲルで電気泳動を行った結果、この陽性クローニングが約 150 bp のインサートDNAを含むことが分かった。グラスバウダー (Glass CleanTM、 Bio-101 社) を用いてインサートDNAを分離・精製した。回収したDNA断片約 20ng と EcoRI で消化したpUC19 ベクター約 100 ng とをDNAライゲーションキット (宝酒造社) A液 20 μ l 、 B液 4 μ l の混合液で 16°C 1 時間反応させることにより両DNAを連結させた組換えプラスミドを得た。この反応液 10 μ l を用いて Mandel 法 [Mandel, M. & Higa, A. (1970) J. Mol. Biol. 53, 154] により大腸菌 T G 1 株を形質転換した。得られた形質転換体を 25 μ g/ml アンビシジンを含む LB 培地 100ml で 37°C 一晩培養し、アルカリ溶離法 [Birnboim, H.C. & Doly, J. (1979) Nucleic Acids Res. 7, 15 13] によりプラスミドDNAを精製した。このプラスミ

ドDNA 10 μ g を溶液 [100mM Tris-HCl (pH7.5) 、 100mM NaCl 、 6mM MgCl₂ 、 6mM メルカプトエタノール、 0.1% ゼラチンおよび 100 単位の EcoRI] (ニッポンジーン社)] 200 μ l 中で 37°C 1 時間消化後、フェノール抽出、エタノール沈澱を行い濃縮し、 0.8% アガロースゲル電気泳動を行った。約 150bp のインサートDNAをグラスバウダーで回収し、以下に記すPDI cDNAのスクリーニングに用いるプローブとした。

【0055】ヒトPDI cDNAの全長を含むクローニングを得るために、改めてヒト肝臓 λ gt11cDNAライブラリー (Clontech社) 約 50,000 クローンおよびヒト胎盤 λ gt11cDNA

イブラー(同社)約50,000クローンについてのスクリーニングを行った。上記の手順と同様に両イブラリーのファージcDNAを固定したフィルターを作製した。上記150bpヒトPDI cDNA断片約100ngを [α -³²P] dCTP (0.400Ci/mmol, Amersham社)およびニックトランスレーションキット(同社)を用いて放射性標識したものを本スクリーニングに用いた。上記の両フィルターをプレハイブリダイゼーション溶液に60°C 1時間浸した後、ハイブリダイゼーション溶液(プレハイブリダイゼーション溶液に約10⁴ cpm/mlの上記標識cDNAを含む溶液)中に60°C 15時間浸した。このフィルターを2×SSC 滴液を用いて室温で洗浄し、さらに0.5%SSC、0.1%デシルガルコシナトリウム溶液で65°C 1時間洗浄した後X線フィルム(XAR-5, Kodak社)に-80°Cで一晩露光させた。フィルムの現像の結果、肝臓 cDNAイブラリーより6個、胎盤 cDNAイブラリーより5個の陽性シグナルを得た。これらをさらに2次、3次のスクリーニングにかけることにより最終的に肝臓 cDNAイブラリーより4個、胎盤 cDNAイブラリーより3個の陽性クローニングを得た。得られた7つのクローニングのEcoRIインサートcDNA断片を前述と同様の方法に従ってプラスミドベクターpUC19のEcoRI部位にサブクローニングした後、7クローニングのインサートについての制限酵素地図を作成した。その結果、肝臓 cDNAの4つおよび胎盤 cDNAの2つが互いにオーバーラップしており、かつ、そのうちの肝臓由来のクローニング1つ(pRDP16)と胎盤由来のクローニング1つ(pRDP14)の2つで目的とするヒトPDI cDNAの全長をカバーしていることが、これらのクローニングとPihlajaniemiらのクローニングの制限酵素地図の比較から予想された。両クローニングについてM13 sequencing kit(東洋紡績社)、M13 sequencing kit(宝酒造社)および自動DNAシーケンサー(370A, Applied Biosystems社)によりDNA塩基配列を決定した。Pihlajaniemiらのデータとの比較により両クローニングは全長2454塩基対から成るヒトPDI cDNAをコードすることが明らかとなった(配列番号1)。

【0056】ヒトPDIの酵母発現プラスミドの構築
上記のヒトPDI cDNAをコードする2つのクローニングpRDP116およびpRDP14をもとにヒトPDIの酵母における発現用プラスミドを以下の手順で構築した(第1図A、BおよびC)。

【0057】アルカリ溶菌法により調製したpRDP116 DNA約1μgを溶液[10mM Tris-HCl(pH7.5)、100mM NaCl、6mM MgCl₂、6mM メルカプトエタノール、0.1%ゼラチン、10単位のEcoRI(ニッポンジーン社)および10単位のPstI(同社)]20μl中で37°C 1時間消化後、0.8%アガロースゲルで電気泳動を行い、PDI cDNAの5端側EcoRIからPstI部分の約490bpの長さのcDNA断片をグラスパウダーにより分離・精製した。一方pRDP14 DNA約1μgを溶液[10mM Tris-HCl(pH7.5)、100mM NaCl、6

0mM MgCl₂、6mM メルカプトエタノール、0.1%ゼラチン、10単位のPstI(ニッポンジーン社)および10単位のBamHI(同社)]20μl中で37°C 1時間消化後同様にしてPDI cDNAの3'端側PstIからBamHI部分の約1.3kbの長さのcDNA断片を分離・精製した。このようにして回収した両cDNA断片それぞれ約50ngおよびEcoRIおよびBamHIで消化し、線状にしたプラスミドベクターpUC19 DNA約20ngを宝酒造社のcDNAライゲーションキットA液25μlおよびB液5μl中で16°C 15時間反応させることにより連結させた。この反応液10μlを用いてカルシウム法により大腸菌MVA190株コンビントンセルを形質転換した。大腸菌は、直径90mmのX-Galプレート(50μg/ml 5-ブロモ-4-クロロ-3-イードリル-β-D-ガラクトビラノシド、80μg/ml イソプロピル-β-D-チオガラクトビラノシド、25μg/ml アンビシリン、L B培地および1.5%寒天)にまいた。37°Cで一晩培養後、得られた白色コロニーを拾い、アルカリ溶菌法でプラスミドDNAを調製し、制限酵素を用いた解析を行い目的とするプラスミドを保持する形質転換体を選択した。得られたプラスミドをpRDP1EBと名付けた。

【0058】pRDP1EBをもとにして、Kunkel法(Kunkel, T.A. (1985) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 82, 488)により、cDNA上のPDIシグナル配列とPDIの本体との境界部分に制限酵素NaeI切断部位を導入した。pRDP1EB DNAを用いてカルシウム法により大腸菌BW313株コンビントンセルを形質転換した。得られた形質転換体の単コロニーを150μg/mlのアンビシリンを含む2×YT培地(1.6%バクトトリプトシン、0.5% NaClおよび1%バクトイーストエキストラクト)で37°C一晩前培養を行った。この培養液1mlを150μg/mlのアンビシリンを含む2×YT培地50mlに接種し37°Cでさらに培養した。濃度(OD₆₀₀)が0.3程度に達したところでM13K07ファージをm.o.i.=2程度で加え37°C30分間静置し感染させた。これに70μg/mlの濃度になるようにカナマイシンを加え37°C20時間振盪培養を行った。培養液を遠心分離にかけ得られた上清に1/5容の2.5M NaCl、20%ポリエチレンリコール#6000溶液を加え攪拌した後室温で15分間静置した。遠心分離にかけ得られた沈殿を5mlのTE緩衝液[10mM Tris-HCl、1mM EDTA(pH8.0)]に溶かし等容の中和フェノールを加え攪拌後遠心分離にかけて水層を回収した。これに等容のクロロホルムを加え攪拌後遠心分離にかけて水層を回収した。得られた溶液に1/10容の3M酢酸ナトリウムおよび2.5容のエタノールを加え攪拌後-80°Cで30分間静置し遠心分離によりDNAを沈殿として回収した。これを70%エタノールで洗浄し滅菌乾燥後100μlのTE緩衝液に溶解した。以上の方法で調製したdUを含むpRDP1EB由来の一本鎖DNAを用いて以下の手順で目的とする変異即ちNaeI部位の導入を行った。変異導入用合成オリゴヌクレオチド(5'-C

GGGGCGCCGCCGCCG-3'、宝酒造社)10pmolを溶液[10

50

0.0M Tris-HCl(pH8.0)、10mM MgCl₂、7mMジオヌクレオチドキナーゼ(宝酒造社)10μl 中で37°C15分間反応後70°C10分間加温してT4ポリヌクレオチドキナーゼを失活させた。上記pBD1E由来の一本鎖DNA 0.2pmolおよび1μlのアニーリング緩衝液(Site-directed mutagenesis system MutanTM-K, 宝酒造社)に滅菌水を加え最終容量を10μlとし、そのうちの1μlと上記リン酸化変異導入用合成オリゴヌクレオチド溶液1μlを混合し、65°C15分、37°C15分静置後、25μlの伸長緩衝液(上記 MutanTM-K, 同社)60単位の大腸菌DNAリガーゼ(MutanTM-K, 同社)および1単位のT4 DNAポリメラーゼ(MutanTM-K, 同社)を加え25°C2時間反応させることにより相補鎖合成を行った。この溶液に3μlの0.2M EDTA(pH8.0)を加え、65°Cで5分間加温することにより相補鎖合成を停止させた。得られたDNA溶液3μlを30μlの大腸菌JM107-18S引物コンピメントセルと混合し、水中30分、42°C45秒さらにもう1分間静置した。これに300μlのS.O.C培地(2%バクトリートン、0.5%イーストエキストラクト、10mM NaCl、2.5mM KCl、10mM MgSO₄、10mM MgCl₂および0.0mMグルコース)を加え37°C1時間振盪した。さらに10μlのJM107 07フージを加え37°Cで30分間静置後、150μg/mlのアンビシンおよび70μg/mlのカナマイシンを含む2×YT培地1mlを加え、37°C20時間振盪した。得られた培養液を遠心分離し、上清20μlを回収し、大腸菌JM107培養液50μlと混合し、37°C10分間加温後、150μg/mlのアンビシンを含むLBプレートにまき37°Cで一晩培養した。得られた形質転換体のうち、目的とするNael部位導入プラスミドを保持するものをM13 SEQUENCING KIT(東洋紡績社)を用いたDNA塩基配列解析により同定した。このプラスミドをpBD1Eと名付けた。

【0059】アルカリ溶離法で調製したpBD1E DNA 2*

1. 5' - TCGAATTCTATGAACTGGTTACCTCACTCTTGTGTT-3' ,
2. 5' - AACAGAACAAACAAAGATGAAAGGTAACCACTCTAGAATTC-3' ,
3. 5' - CTGTTCTCTCTCTCTACTCTAGAGTTCTAGAGGAAAGCCTG-3' ,
4. 5' - GATCAGGCTCTCTGAAACACCTCTAGAGTAAGCAGAAAGAG-3'

を自動DNA合成機(Applied Biosystems社、モデル380B)を用いて合成した。これら各々約30 pmolを、溶液[50mM Tris-HCl(pH7.6)、10mM MgCl₂、5mMジオヌクレオチドキナーゼ(宝酒造社)]25μl 中で37°C1時間反応させることにより5'端をリン酸化した。得られたオリゴヌクレオチドを含む溶液を混ぜ(計100μl) 100°Cの水浴に5分間放置した後温浴で放冷しアニーリングを行った。これに600単位のT4 DNAリガーゼ(宝酒造社)を加え16°Cで一晩保温し、フラグメント間の連結を行い二本鎖フラグメントにした。この二本鎖DNAをフェノール抽出による除タンパク質後、エタノール沈殿により回収した。

* μgを溶液[10mM Tris-HCl(pH8.0)、20mM NaCl、7mM MgCl₂、7単位のNael(ニッポンジーン社)および1単位のBamH I(宝酒造社)]30μl 中で37°C4時間消化後0.8%アガロースグル電気泳動を行い約1.7kbの長さのDNA断片をグラスパウダーにより分離、精製した。ヒト血清アルブミンのプレプロ配列を酵母において使用頻度の高いコドンによりコードするDNA断片をクローニングしたプラスミドpUC19Sigの構築を以下の手順で行った(第1回)。

【0060】プラスミドベクターpUC19 DNA 1μgを溶液[100mM Tris-HCl(pH7.5)、10mM MgCl₂、50mM NaClおよび12単位のEcoRI(ニッポンジーン社)]20μl 中で37°C1時間消化した後、70°C5分間加熱して酵素を失活させた。次に滅菌水38μlおよびバクテリアアルカリ性ホスファーゼ1単位(宝酒造社)を加えて37°C1時間保温した後、フェノール抽出を行い、得られた水層をエタノール沈殿に用いDNAを回収した。このDNAと、

5' - AATTCTCGAG
GAGCTCTTA-5'

の配列から成るXbaI部位を含むXbaIリンカー等モルとを溶液[66mM Tris-HCl(pH 7.5)、6.6mM MgCl₂、10mMジオヌクレオチド、0.1mM ATP、および300単位のT4 DNAリガーゼ(宝酒造社)]30μl 中で37°C一晩保温した。この溶液10μlを用いて大腸菌JM107株コンピメントセルをカルシウム法に従い形質転換し、50μg/mlのアンビシンを含むLBプレートにまき37°C一晩保温した。得られたコロニーについて、アルカリ溶離法を用いてプラスミドDNAを調製し、制限酵素解析を行うことにより目的とするXbaIリンカーがpUC19 EcoRI部位に挿入されたプラスミドDNAを選択取得した。

【0061】以下の配列をもつ4種類のオリゴヌクレオチド:

1. 5' - TCGAATTCTATGAACTGGTTACCTCACTCTTGTGTT-3' ,
2. 5' - AACAGAACAAACAAAGATGAAAGGTAACCACTCTAGAATTC-3' ,
3. 5' - CTGTTCTCTCTCTCTACTCTAGAGTTCTAGAGGAAAGCCTG-3' ,
4. 5' - GATCAGGCTCTCTGAAACACCTCTAGAGTAAGCAGAAAGAG-3'

【0062】上述のXbaIリンカーを導入したベクタープラスミド1μgを溶液[100mM Tris-HCl(pH7.5)、10mM MgCl₂、100mM NaCl、10単位のBamH I(ニッポンジーン社)および12単位のXbaI(宝酒造社)]20μl 中で37°C1時間消化した後、フェノール抽出を行い、得られた水層からエタノール沈殿によりDNAを回収した。このDNAと上述の4つのオリゴヌクレオチドの連結により得られた二本鎖DNAフラグメント等モルを溶液[66mM Tris-HCl(pH7.5)、6.6mM MgCl₂、10mMジオヌクレオチド、0.1mM ATP、および300単位のT4 DNAリガーゼ(宝酒造社)]30μl 中で37°C一晩保温した。この溶液10μlを用いて大腸菌JM107株コンピメントセルをカルシウム法に従い形質転換し、50μg/mlのアンビ

リンを含むLBプレート上にまき37°C一晩保温した。得られたコロニーについて、それらの保持するプラスミドDNAの塩基配列解析を行うことにより目的とする組換えプラスミドをもつ形質転換体を選択した。このプラスミドをpUC119Sigと名付けた。

[0063] 上記の手順で作製したプラスミド $pUC19S$ Ig DNA をアルカリ溶菌法で調製した。この DNA 2μ g を溶液 [10mM Tris-HCl (pH 8.0), 100mM NaCl, 7mM MgCl₂] 、8 単位の S トナリ (ニッポンジン社) および 10 単位の Bind III (宝酒造社) 中で 37°C 4 時間消化後 0.8% アガロースゲル電気泳動にかけ、約 2kb の長さの DNA 断片をグラスパウダーで分離・精製した。このようにして得られた $pUD19Nae$ 由来の 7.7kb DNA 断片約 50ng と $pUC19$ Sig 由来の 3.2kb DNA 断片約 50ng を宝酒造社ライゲーションキット A で 30 μl B 液 50 μl 中で 16°C 30 分間反応後、10 μl を用いてカルシウム法により大腸菌感受性 $DE3$ コンピテントセル (宝酒造社) を形質転換し、50 μl / ml のアンビシリソを含む LB プレートにまいた。このプレートを 37°C 一晩静置することにより得られたコロニーについて、アルカリ溶菌法を用いてプラスミド DNA を調製し、制限酵素を用いた解析を行うことにより、ヒト血清アルブミンのプレプロ配列下流にヒト PD1 本体を接続した形 (第 2 図) 組換えプラスミドを選択し取得した。このプラスミドを $pUD19$ と名付けた。

[0064] 以上のようにして得られたリーダー配列改変型PD1を酵母アルゴーディドロゲナーゼ1遺伝子のプロモーター支配下で発現させるべく、以下の手順によりヒトPD1発現プラスミドを構築した。アルカリ溶菌法により調製した上記phPD1IL1 DNA 7 μ lを溶液[100mM Tris-HCl (pH8.0)、100mM NaCl、7mM MgCl₂；および40単位のEcoRI(ニッポンジーン社)] 100 μ l中で37°C 2時間消化後、等容のフェノール／クロロホルム混液(飽和フェノールとクロロホルムを等容混合した溶液)を加え攪拌し、遠心分離後水層を回収した。このフェノール／クロロホルム抽出を繰り返し、得られた水層に1/10容の3M醋酸ナトリウム(pH5.3)および2.5容のエタノールを加え混合し、-40°C 2時間静置した。遠心により得られた沈殿を70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し50 μ lのKlenow緩衝液(Kilo-Sequence用Deletion Kit, 宝酒造社)に溶解し、4単位のKlenow fragment緩衝液(宝酒造社)を加え37°C 45分間反応させることによりEcoRI切断部分の平滑化を行った。この溶液について2回のフェノール／クロロホルム抽出を行ない、得られた水層に1/10容の3M醋酸ナトリウム(pH5.3)および2.5容のエタノールを加え混合し、-40°C 1時間静置した。遠心により得られた沈殿を70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し、50 μ lのKlenow緩衝液(Kilo-Sequence用Deletion Kit, 宝酒造社)に溶解し、4単位のKlenow fragment緩衝液(宝酒造社)を加え37°C 45分間反応させることによりEcoRI切断部分の平滑化を行った。この溶液につ

いて2回のフェノール／クロロホルム抽出を行ない、得られた水層に1/10容の3M酢酸ナトリウム(pH5.3)および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃1時間静置した。遠心により得られた沈殿を70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し、溶液[10mM Tris・HCl(pH8.0)、60mM NaCl、7mM MgCl₂、および10単位のBamHI(ニッポンジン社)]40μlに溶かし37℃3時間反応させた。得られたDNA溶液を0.8%アガロースグリム電気泳動にかけ、約1.8kbのDNA断片をグラスパウダーで分離・精製した。一方、アルカリ溶離法で調製したpJD-B-ESA-A(特開平2-117384号公報)DNA5μlを溶液[10mM Tris HCl(pH 8.0)、100mM NaCl、7mM MgCl₂、および24単位のXba I(宝酒造社)]100μl中で37℃2時間消化後、フェノール／クロロホルム抽出を2回行い得られた水層に、1/10容の3M酢酸ナトリウム(pH5.3)および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃2時間静置後遠心により沈殿としてDNAを回収した。このDNA沈殿を70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し、50μlのKlenow緩衝液(Klenow Sequence Deletion Kit, 宝酒造社)を加え37℃45分間反応させることによりXba I切断部分の平滑化を行った。この溶液について2回のフェノール／クロロホルム抽出を行ない、得られた水層に1/10容の3M酢酸ナトリウム(pH 5.3)および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃1時間静置後、遠心により沈殿としてDNAを回収した。得られたDNAを70%エタノールで洗浄後減圧乾燥し、溶液[10mM Tris・HCl(pH8.0)、60mM NaCl、7mM MgCl₂、および10単位のBamHI(ニッポンジン社)]40μlに溶かし、37℃75分間消化した。この溶液に10μlの2M Tris・HCl(pH8.0)、110μlの滅菌水および1単位の大腸菌C75株由来アルカリファスファーティ(宝酒造社)を加え混合し、60℃1時間加熱することにより酵素切断部の5'脱リン酸化反応を行った。得られた溶液に1/10容の3M酢酸ナトリウム(pH5.3)および2.5容のエタノールを加え混合し、-40℃1時間静置した。遠心により沈殿としてDNAを回収し減圧乾燥後20μlのTEに溶解し0.8%アガロースグリム電気泳動にかけた。約8kbのDNA断片をグラスパウダーを用いて回収した。以上のようにして得られたpJD1由来の1.8kb DNA断片約50ngおよびpJD-B-ESA-A由来の8kbDNA断片約50ngを宝酒造社DNAライゲーションキットA液30μl、B液6μlと混じし、16℃2.5時間反応させ両DNAを連結させた。得られたDNA溶液10μlを用いてカルシウム法により大腸菌600株を形質転換し、50μl／μlのアンビシリンを含むLBプレートにまき37℃で一晩培養した。得られたコニコニーについてアルカリ溶離法によりプラスミドDNAを調製し、制限酵素解析を行なうことにより目的とするアルゴリズムドロゲナーゼⅠプロモーター下流にリーダー配列改変型PDIを連結したプラスミドを保持する形質転換体を選択した。このようにして構築したPDI発現プラスミドをpA

PhPDILy1と名付けた。また、この構造の結果、成熟型PD1のN末端アミノ酸はAspからGlyに変更された。

【0065】一方、ヒトPDI 発現実験用のコントロールプラスミドを以下の手順で作製した。アルカリ溶菌法で調製したpIDB-ADH-HSA-A DNA 5μlを溶液 [10mM Tris-HCl, 100mM NaCl, 7mM MgCl₂; 24単位のXbaI (宝酒造社) および25単位のBamHI (ニッポンジーン社)] 100μl 中で37°C 2時間消化後、フェノール/クロロホルム抽出を2回行い得られた水相に1/10容の3M酢酸トリウム (pH5.3) および 2.5容のエタノールを加え混合し、-40°C 2時間静置後遠心によりDNAを沈澱として回収した。このDNAを70%エタノールで洗浄後、減圧乾燥し、50μlのKlenow翻訳液 (Kilo-Sequence Reaction Kit, 宝酒造社) に溶解し、4単位のKlenow fragment (宝酒造社) を加えて37°C 45分間反応させることによりXbaIおよびBamHI 切断部分の平滑化を行った。この溶液について2回のフェノール/クロロホルム抽出を行い得られた水層に1/10容の3M酢酸ナトリウム (pH 5.3) および 2.5容のエタノールを加え混合し、-40°C 1時間静置後遠心により沈澱としてDNAを回収した。これを減圧乾燥後20μlのTEに溶解し、0.8%アガロース電気泳動にかけ、約8kbのDNA断片をグラスパウダーで回収した。得られたDNA断片約50ngを宝酒造社DNAライゲーションキットのA液30μl、B液6μlと混合し、16°C一晩反応させ、自己連結により環状化した。このDNA溶液10μlを用いて大腸菌101株コンピテントセル (宝酒造社) をカカルシウム法により形質転換し、50μl/mlのアンビシリコンを含むLBプレートにまで37°C一晩培養した。得られたコロニーについてアルカリ溶菌法によりプラスミドDNAを調製し、制限酵素解釈を行い、目的とするコントロール用プラスミドを選択取得した。得られたプラスミドをpABと名付けた。

【0066】ヒトPDIの酵母による発現

上記の手順で構築したヒトPDI 発現プラスミドpAhhPDILy1を用いて以下に示す方法でヒトPDIの酵母による発現を行った。

【0067】YPDプレート (2%バクテベント、1%イーストエキストラクト、2%ブドウ糖および1.5%寒天) 上で培養した酵母AH22株の単コロニーを5mlのYPD培地 (2%バクテベント、1%イーストエキストラクトおよび2%ブドウ糖) に接種し30°C24時間振盪培養した。この前培養液0.9mlを45mlのYPD培地に接種し30°Cで振盪培養し、OD₆₀₀ (濁度) が約0.5に達したところで低速遠心にかけ沈澱として菌を回収した。得られた菌体を3mlの0.2M LSCNに懸滴し、そのうちの1mlを遠心にかけ沈澱として菌体を回収した。この菌体に46μlの50%PEG #4000、10μlのLISCN およびアルカリ溶菌法で調製したpAhhPDILy1 DNA溶液10μl(DNA27μl) 分) を加えビベッティングにより混合し、30°Cで一晩静置した。これに1mlの滅菌水を加え懸滴後遠心により菌体を沈澱

として回収した。この菌体を100μlの滅菌水で懸滴し、SD (-Leu) プレート [SD (-Leu) 培地 (0.67%バクテニトロゲンベース、2%ブドウ糖、20mg/lのアデニン、同ウラシル、同トリプトファン、同ヒスチジン、同アルギニン、同メチオニン、30mg/lのチロシン、同イソロイシン、同リジン、50mg/lのフェニルアラニン、100mg/lのアスパラギン酸、同グルタミン酸、150mg/lのバリン、200mg/lのスレオニンおよび375mg/lのセリン (以上のアミノ酸は和光純薬製)] および1.5%寒天] 上にまき、30°Cで培養した。培養 5日目に得られた形質転換体を5mlのSD (-Leu) 培地に接種し30°C 2日間振盪培養した。この前培養液100μlを5mlのYPD培地に接種し30°C24時間振盪培養した。得られた培養液1.5mlを遠心分離にかけ上清500μlを回収し、これに等容のエタノールを加え混合後氷中に1時間静置した。

これを遠心分離にかけ培地中の酵母細胞からの分泌物を沈澱として回収し減圧乾燥した。得られた沈澱を10μlのSDS-PAGE用サンプル緩衝液 (125mM Tris-HCl (pH6.8)、4%SDS、20%グリセリン、10%β-メルカプトエタノールおよび0.01%ブロモフェノールブルー) に溶解し、5分間煮沸後SDS-PAGEプレート10/20 (第一化学薬品) にて電気泳動を行った。このゲルを染色液 (0.15%クマシーブリリアントブルー、10%酢酸および40%メタノール) で染色後、脱色液 (10%酢酸および40%メタノール) に浸し、発現物を視覚化した。この酸コントロールとして上記pAB1を出発点として上述のpAhhPDILy1についてと全く同様の操作により得られた培地サンプルを同時に泳動した。分子量標準としてフォスマリラーゼ (分子量約94,000)、ウシ血清アルブミン (67,000)、オ

30 ポアルブミン (43,000)、カーボニックアンヒドライゼ (30,000)、大豆トリプシンインヒビター (20,000) およびα-ラクタムアルブミン (14,000) を用いた (第3図)。その結果、分子量約55kDaの発現物を見出すことができた。この分子量は、成熟PDIの分子量と一致しており目的とするヒトPDIが発現分泌したものと期待された。そこで発現分泌物のタンパク質化学的特徴を調べることを目的として以下の手順で大量培養を行った。

【0068】pAhhPDILy1を保持する酵母AH22株の単コロニーを80mI OS (-Leu) 培地に接種し、30°C 2日間振盪培養した。得られた前培養液を80mlずつ41のYPD・リン酸培地 (YPD培地、6g/lのNa₂HPO₄および3g/lのKH₂PO₄、pH 7.0) に接種し、30°C 24時間振盪培養を行った。この培養液を遠心分離にかけ上清を回収し以下の分離発現物の精製に用いた。

【0069】培地からの組換えヒトPDIの単離とその特性化

上記のようにして得られた形質転換酵母培養培地41を、ミリボアーミリターン限外濾過器 (排除分子量30,000) を用い、40倍濃縮を行った (100ml) 後、TSE-gel Peony-5PW珠水性カラムにより、ヒトPDIを単離した。

疎水性カラムは0.85M硫酸、0.05% Na_2EDTA を含む10mMホウ酸-10mM KCl 缓衝液pH 8.0で平衡化したものから、125分間で、疎安を含まない同緩衝液へと直線的濃度勾配を形成させることによって溶出した。この時の流速は2ml/hである。この結果を第4図に示す。第5図には、単離されたヒトPDIのSDS電気泳動図を示す。図に示されるように、疎水性カラムクロマトグラフィーによってヒトPDIはほぼ单一の成分にまで分離され、かつ、PDI活性を保持していることが明らかになった。YPD培地に由来する紫外外部吸収物質は、このクロマトグラフィーによってきわめて効率よく除去できることが分かった。

[0070] PDI活性の測定

PDI活性の測定は、還元・変性・再酸化による方法で作製したスクランブルドリボヌクレアーゼA(RNase A)の再構成への促進効果を測ることによって行った。リボヌクレアーゼAの酵活性の回復の程度を指標として定量化した。具体的方法を以下に示す。

[0071] スクランブルドRNase Aの調製: 120mgのRNase Aを6Mグアニジン塩酸、0.15Mジチオスレートを含む3mlの0.1Mトリス塩酸緩衝液pH 8.6に溶解した後、空気流下で、15時間室温で還元を行った。還元物を0.01N HClで平衡化させたセファデックスG-25カラム(15mmφ × 38cm)で還元剤を除去した。この脱塩物にグアニジン塩酸を最終濃度6Mとなるように加え、更にトリスを加えpHを9.0に合わせ、S-S結合の交換反応を停止、4℃で14時間行なった。この試料を-80℃で保存したものをスクランブルドRNase Aとして使用した。

[0072] PDI活性の測定: 穀素置換を施した55mMリソ酸緩衝液(pH 7.5) 20mlに、10 μl の1Mジチオスレートを加えたものを調製し、この溶液から10 μl を取り、20 μl の酵素試料とまとめて55mMリソ酸緩衝液(pH 7.5) 420 μl に加え30℃で5分半放置する。これに上記スクランブルドRNase液50 μl を加え30℃、15分半反応させる。ここで、1.945mlの脱気した50mMトリス塩酸、5mM 塩化マグネシウム、25mM塩化カリウムを含む緩衝液pH 7.5に、50 μl の1ストアRNA溶液(10mMトリス塩酸緩衝液pH 7.5/1mM EDTA, 280nmの吸光度80%になるように調節したもの)を1cm角石英セルに加え、攪拌しながら温度を45℃になるように平衡化させる。このとき260nmでの吸光度が変化しないことを確認しておく。ジチオスレート処理したスクランブルドRNase A溶液から5 μl 取り、これをセル中の溶液とまぜながら、0.2分毎に2分間260nmでの吸光度を測る。PDI活性は260nmでの吸光度変化速度の初速から求められる。

[0073] ヒトPDI発現プラスミドpAHBDILyによる酵母HIS23株の形質転換

ヒトPDI発現プラスミドpAHBDILyを用いて、以下の手順に従いHIS23株を調製した。

885号/微工研菌第11351号(FERM P-1138)を形質転換した。

[0074] YPDプレート(2%バクトリートリpton、1%バクトイーストエキストラクト、2%ブドウ糖および1.5%寒天)上で培養したHIS23株を発現酵母HIS23株の単一コロニーを5mlのYPD培地(2%バクトリpton、1%バクトイーストエキストラクトおよび2%ブドウ糖)に接種し、30℃で24時間振盪培養した。この培養液1mlを50mlのYPD培地に接種後30℃で振盪培養し、OD₆₀₀ (濁度)が0.5程度に達したところで菌体を低速遠心により沈殿として回収した。集めた菌体に4.6 μl の5.0%ボリエチレングリコール#4000、1.0 μl のLISCNおよびアルカリ溶菌液[Birnboim, H. C. & Doly, J. (1979) *Nucleic Acids Res.*, 7, 1513.]で調製したヒトPDI発現プラスミドpAHBDILy1 DNase液10 μl (DNA約2.0 μg 分)を加えビッティングにより混合し、30℃で一晩静置した。これに1mlの滅菌水を加え懸濁後、遠心分離により菌体を沈殿として回収した。この菌体を100 μl の滅菌水で懸濁し、SD(-His, -Leu)培地(0.67%バクトリートリpton、2%ブドウ糖、2.0mg/l)のアデニン、同ウラシル、同トリプトファン、同アルギニン、同メチオニン、3.0mg/lのチロシン、同イソロイシン、同リジン、5.0mg/lのフェニルアラニン、1.00mg/lのアスパラギン酸、同グルタミン酸、1.50mg/lのバリン、2.0mg/lのトレオニンおよび3.75mg/lのセリン(以上上のアミノ酸は和光純薬株式会社製)および1.5%寒天]上にまき30℃で培養した。培養5日目でプレート上にコロニーとして形質転換体を得た。

[0075] 得られた形質転換体(pAHBDILy1/HIS23)について以下の手順によりPDIの発現を調べた。この麻コントロール実験として、pAHBDILy1からPDICcDNA部分を除いたコントロールプラスミドpAHを用いて得られた形質転換体(pAH/HIS23)を以下使用した。プレート上のコロニーを5mlのSD(-His, -Leu)培地に接種し30℃で2日間振盪培養した。この前培養液100mlを5mlのYPD培地に接種後30℃24時間振盪培養し、得られた培養液1.5mlを遠心分離にかけその上清500 μl を回収し、これに等量のエタノールを加え混合後水中で1時間静置した。これを遠心分離にかけ培地中の酵母からの発現分離物を沈殿として回収。遠心エバボレーターにより減圧乾燥した。得られた沈殿を1 μl のSDS-PAGE用サンプル緩衝液[62.5mM Tris-HCl(pH 6.8)、2% SDS、5% β-メルカプトエタノール、0.005%プロモフェノールブルーおよび2.0%グリセリン]に溶解し、5分間煮沸後SDS-PAGEプレート4/20-1010(第一化学薬品株式会社製)で電気泳動を行った。泳動後のゲルを染色液(0.15%クマシーブリリアントブルー、1.0%酢酸および4.0%メタ

ノール)で染色後、脱色液(10%酢酸および40%メタノール)に浸し培地中の発現分泌物を視覚化した。この際、分子量標準としてフォスフォリラーゼb(分子量94,000ダルトン)、ウシ血清アルブミン(67,000)、オボアルブミン(43,000)、カーボニックアンヒドラーーゼ(30,000)、大豆トリプシンインヒビター(20,000)および α -ラクトアルブミン(14,000)を用いた(第6図)。その結果、pAHhPDILy1によって形質転換した酵母HIS23株で、分子量約55,000ダルトンのPD1の発現分泌が検出された。

【0076】ヒトPD1のHSA発現分泌に対する効果上記の酵母におけるHSAおよびPD1の共発現系を用いて、ヒトPD1のHSA発現分泌に対する効果を以下の手順によって調べた。

【0077】コントロールプラスミドpAHおよびヒトPD1発現プラスミドpAHhPDILy1それぞれによって形質転換した酵母HIS23株、即ちpAH/HIS23株およびpAHhPDILy1/HIS23株の独立したコロニー5つづきを各々5mlのSD(-HIS, -Leu)培地に接種し30°Cで24時間前培養を行った。この前培養液10μlをそれぞれ5mlのYPD培地に接種し30°Cで24時間振盪培養を行ない、各培養液から前項で述べた方法によりSDS-PAGE用の試料を調製しSDS-PAGEを行なった(第7図)。得られたゲルを用いて、各株のHSA分泌量をデンシティメーター(IMAGE ANALYSIS SYSTEM、テフコ株式会社製)で定量化し、PD1の共発現によるHSAの発現分泌量の変化を調べた(第8図)。その結果、pAH/HIS23株で平均0.93mg/

配列

GAATTCGGGG GCGGACGAGA GAAGCCCGCC GCGCTGATCG TGTCGAC ATG CTG CGC	57
Met Leu Arg	
-15	
CGC GCT CTG CTG TGC CTG GCC GTG GCC CGC CTG GTG CGC GCC GAC GCG	105
Arg Ala Leu Leu Cys Leu Ala Val Ala Leu Val Arg Ala Asp Ala	
-10 -5 1	
CCC GAG GAG GAC CAC GTC CTG GTG CTG CGG AAA AGC AAC TTC GCG	153
Pro Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Arg Lys Ser Asn Phe Ala	
5 10 15	
GAG GCG CTG CGG GCC CAC AAG TAC CTG CTG GTG GAG TTC TAT GCC CCT	201
Glu Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe Tyr Ala Pro	
20 25 30	
TGG TGT GGC CAC TGC AAG GCT CTG GCC CCT GAG TAT GCC AAA GCC GCT	249
Trp Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala Lys Ala Ala	
35 40 45 50	
GGG AAG CTG AAG GCA GAA GGT TCC GAG ATC AGG TTG GCC AAG GTG GAC	297
Gly Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala Lys Val Asp	
55 60 65	
GCC ACG GAG GAG TCT GAC CTG GCC CAG CAG TAC GCC GTG CGC GGC TAT	345
Ala Thr Glu Ser Asp Leu Ala Glu Glu Tyr Gly Val Arg Gly Tyr	
70 75 80	

1またpAHhPDILy1/HIS23株で同じく1.50mg/lのHSAを分泌しており、酵母HIS23株におけるヒトPD1の共発現により、HSAの分泌量は平均で約60%の増加を示した。

【0078】

【発明の効果】本発明は、ヒト血清アルブミンプレプロ配列をコードするDNAとヒトプロテインジルフィドイソメラーゼ遺伝子とから成る連結遺伝子を用いることにより、ヒトPD1の大量生産法の手段を初めて確立したものである。これにより、この方法は、S-S結合の掛け違い等の理由で高次構造形成が不完全な蛋白質の活性化を促進するために大量かつ安価な手段として用いることができる。主に遺伝子工学的に産生された不活性蛋白質の活性化に効果的であると考えられ、この酵素の発現を他の有用オリベプチドの発現と共役させることにより、その有用オリベプチドの宿主細胞による産生効率を上昇させることができた。その他の、研究用試薬としても使用できる。

【0079】

【配列法】
配列番号: 1
配列の長さ: 2454
配列の型: 核酸
鎖の数: 二本鎖
トポロジー: 直鎖状
配列の種類: cDNA to mRNA
起源: ヒト肝臓又は胎盤 cDNAライブラリー (Clontech社)

25

26

CCC ACC ATC AAG TTC TTC AGG AAT GGA GAC ACG GCT TCC CCC AAG GAA
 Pro Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser Pro Lys Glu
 85 90 95
 TAT AGA GCT GGC AGA GAG GCT GAT GAC ATC GTG AAC TGG CTG AAG AAG
 Tyr Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp Leu Lys Lys
 100 105 110
 CGC ACG GGC CCG CCT GGC ACC ACC CTG CCT GAC GGC GCA GCT GCA GAG
 Arg Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala Ala Ala Glu
 115 120 125 130
 TCC TTG GTG GAG TCC AGC GAG CTG CCT GTC ATC GCC TTC TTC AAG GAC
 Ser Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe Phe Lys Asp
 135 140 145
 GTG GAG TCG GAC TCT GCC AAG CAG TTT TTG CAG GCA GCA GAG GGC ATC
 Val Glu Ser Asp Ser Ala Lys Glu Phe Leu Glu Ala Ala Glu Ala Ile
 150 155 160
 GAT GAC ATA CCA TTT GGG ATC ACT TCC AAC AGT GAC GTG TTC TCC AAA
 Asp Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val Phe Ser Lys
 165 170 175
 TAC CAG CTC GAC AAA GAT GGG GTT GTC CTC TTT AAG AAG TTT GAT GAA
 Tyr Glu Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys Phe Asp Glu
 180 185 190
 GGC CGG AAC AAC TTT GAA GGG GAG GTC ACC AAG GAG AAC CTG CTG GAC
 Gly Arg Asn Asn Phe Glu Gly Val Thr Lys Glu Asn Leu Leu Asp
 195 200 205 210
 TTT ATC AAA CAC AAC CAG CTG CCC CTT GTC ATC GAG TTC ACC GAG CAG
 Phe Ile Lys His Asn Glu Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe Thr Glu Glu
 215 220 225
 ACA GCC CGG AAG ATT TTT GGA GGT GAA ATC AAC ACT AAC CTG ATC CTG CTG
 Thr Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His Ile Leu Leu
 230 235 240
 TTC TTG CCC AAG AGT GTG TCT GAC TAT GAC GGC AAA CTG AGC AAC TTC
 Phe Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu Ser Asn Phe
 245 250 255
 AAA ACA GCA GGC GAG ACC TTC AAG GGC AAG ATC CTG TTC ATC TTC ATC
 Lys Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe Ile Phe Ile
 260 265 270
 GAC ACC GAC CAC ACC GAC AAC CAG CGC ATC CTG GAG TTC TTT GGC CTG
 Asp Ser Asp His Thr Asp Asn Glu Arg Ile Leu Glu Phe Phe Gly Leu
 275 280 285 290
 AAG AAG GAA GAG TGC CGG GCC GTG CGC CTC ATC ACC CTG GAG GAG GAG
 Lys Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu Glu Glu Glu
 295 300 305
 ATG ACC AAG TAC AAG CCC GAA TCG GAG GAG CTG ACC GCA GAG AGG ATC
 Met Thr Lys Tyr Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala Glu Arg Ile
 310 315 320
 ACA GAG TTC TGC CAC CGG TTC CTG GAG GGC AAA ATC AAG CCC CAC CTG
 Thr Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys Pro His Leu
 325 330 335
 ATG ACC CAG GAG CTG CGG GAG GAC TGG GAC AAG CAG CCT GTC AAG GTG
 Met Ser Glu Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Glu Pro Val Lys Val

27

28

340	345	350	1209
CTT GTT GGG AAG AAC TTT GAA GAC GTG GCT TTT GAT GAG AAA AAA AAC			
Leu Val Gly Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu Lys Lys Asn			
355	360	365	370
GTC TTT GTG GAG TTC TAT GCC CCA TGG TGT GGT CAC TGC AAA CAG TTG			1257
Vai Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Gin Leu			
375	380	385	
GCT CCC ATT GTG GAT AAA CTG GGA GAG ACC TAC AAG GAC CAT GAG AAC			1305
Ala Pro Ile Itp Asp Lys Leu Gly Glu Thr Tyr Lys Asp His Glu Asn			
390	395	400	
ATC GTC ATC GCC AAG ATG GAC TCG ACT GCC AAC GAG GTG GAG GCC GTC			1353
Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val Glu Ala Val			
405	410	415	
AAA GTG CAC AGC TTC CCC ACA CTC AAG TTC TTT CCT GCC AGT GCC GAC			1401
Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala Ser Ala Asp			
420	425	430	
AGG ACG GTC ATT GAT TAC AAC GGG GAA CGC ACG CTC GAT GGT TTT AAG			1449
Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp Gly Phe Lys			
435	440	445	450
AAA TTC CTG GAG ACC GGT GCC CAG GAT CGG GCA CGG GAT GAT GAC GAT			1497
Lys Phe Leu Glu Ser Gly Glu Asp Gly Ala Gly Asp Asp Asp Asp			
455	460	465	
CTC GAG GAC CTG GAA GAA GCA GAG GAG CCA GAC ATG GAG GAA GAC GAT			1545
Leu Glu Asp Leu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu Glu Asp Asp			
470	475	480	
GAT CAG AAA GCT GTG AAA GAT GAA CTG TAA TACGCAAAGC CAGAGCCGGG			1595
Asp Glu Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu *			
485	490		
CCCTGCCGAG ACCCTCTCGG GGCTGCACAC CCAGCAGAG CGCACCGCTC CGAACGCTGC			1655
GGCCCTCGCTT GAAAGGGAGGC GTGGCCCGAA ACCCAAGGGAA CCTCTCTGAA GTGACACCTC			1715
ACCCCTACAC ACCCTCTGGT CACCCCTGGT CCTTCCTCTT GCTTTCGGT TTTGGAAAG			1775
GGATCCATCT CCAGGCGAGG CACCCCTGGT GGCGCTTGTT CCTGAAACCA TGATGATCTT			1835
TTTCATACAT GAGCTCTGTC AGAGTGCTTG CTACCGTGTG CGGAGTCCTG CTGCTCTCT			1895
CCCGGGGGAG GTTCTCTCTC TTTCGAAAAA TTCCGCTCTG GGGATTTTA GACATTTTC			1955
GACATCAGGG TATTTCTCTC ACCCTGGCA GGCCTCTCG GAGAAAGCTTG TCCCCCTGT			2015
GGAGGGAGC GAGCCGGAGT GGACATGGT ACTCTAGTAC CCCTGCACTG TGCCCATGAC			2075
TGATCATGGC TTCTGATTT TTGGGAAAT GGAGACTTCC GGATGCTGTC AGGGTGTC			2135
CCATGCCCTGG AAGAGGAGCT GTGGCTCTGG AGCCCTGGGG CGCGGCAACAG GCCTGGGGCT			2195
TCCCTCTCCC TCAAGCCAGG GCTCTCTCTC CTGTCGTTGG CCTATTGTA CCACTGGCT			2255
CTCTACAGCA CGGCCCTGGG CCTGTTCAAG CGAGAACAC GACCCCTGAC TCCCGGGGG			2315
GGAGGTGGCC AGAGATGCTG GAGCTGAATC AGAGGCTGAC AGTCTCTGAG GCATTCTAT			2375
TTCACATCG AATTCACAC AITGGCCAA TAAAGTGA AITTTACCA CCCAAAAAAA			2435
AAAAAAAAAA CGCGAATC			2454

配列番号：2

鎖の数：二本鎖

配列の長さ：1545

トポロジー：直鎖状

配列の型：核酸

配列の種類：他の核酸（半合成DNA）

配列

ATG AAG TGG GTT ACC TTC ATC TCT TGT TTG

Met Lys Trp Val Thr Phe Ile Ser Leu Leu

-20 -15

29	30	
TTC TIG TIC TCT TCT GCT TAC TCT AGA GGT GTT TTC AGA AGG GGC GGC		78
Phe Leu Phe Ser Ser Ala Tyr Ser Arg Gly Val Phe Arg Arg Gly Ala		
-10 -5 1		
CCC GAG GAG GAG GAC CAC GTC CTG GTG CTG CGG AAA AGC AAC TTC GCG		126
Pro Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Leu Arg Lys Ser Asn Phe Ala		
5 10 15		
GAG GCG CTG GCG GCC CAC AMG TAC CTG CTG GTG GAG TTC TAT GCC CCT		174
Glut Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe Tyr Ala Pro		
20 25 30		
TGG TGT GGC CAC TGC AAG GCT CTG GCC CCT GAG TAT GCC AAA GCC GCT		222
Trp Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala Lys Ala Ala		
35 40 45 50		
GGG AAG CTG AAG GCA GAA GGT TCC GAG ATC AGG TTG GCC AAC GTG GAC		270
Gly Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala Lys Val Asp		
55 60 65		
GCC ACG GAG GAG TCT GAC CTG GCC CAG CAG TAC GGC GTG CGC GGC TAT		318
Ala Thr Glu Ser Asp Leu Ala Glu Glu Tyr Gly Val Arg Gly Tyr		
70 75 80		
CCC ACC ATC AAG TTC AGG AAT-GGA GAC ACG GCT TCC CCC GCA GAA		366
Pro Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser Pro Lys Glu		
85 90 95		
TAT ACA GCT GGC AGA GAG GCT GAT GAC ATC GTG AAC TGG CTG AAG AAG		414
Tyr Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp Leu Lys Lys		
100 105 110		
CGC ACG GGC CCG GCT GCC ACC ACC CTG CCT GAC GGC GCA GCT GCA GAG		462
Arg Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala Ala Ala Glu		
115 120 125 130		
TCC TTG GTG GAG TCC AGC GAG GTG GCT GTC ATC GCC TTC TTC AAG GAC		510
Ser Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe Phe Lys Asp		
135 140 145		
GTG GAG TCG GAC TCT GCC AAG CAG TTT TIG CAG GCA GCA GAG GGC ATC		558
Val Glu Ser Asp Ser Ala Lys Gin Phe Leu Glu Ala Ala Glu Ala Ile		
150 155 160		
GAT GAC ATA CCA TTT GGG ATC ACT TCC AAC AGT GAC GTG TTC TCC AAA		606
Asp Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val Phe Ser Lys		
165 170 175		
TAC CAG CTC GAC AAA GAT GGG GTT GTC CTC TTT AAG AAG TTT GAT GAA		654
Tyr Gin Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Phe Asp Glu		
180 185 190		
GGC CGG AAC AAC TTT GAA GGG GAG GTC ACC AAG GAG AAC CTG CTG GAC		702
Gly Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn Leu Leu Asp		
195 200 205 210		
TTT ATC AAA CAC AAC CAG CTG CCC CTT GTC ATC GAG TTC ACC GAG CAG		750
Phen Ile Lys His Asn Glu Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe Thr Glu Glu		
215 220 225		
ACA GCC CCG AAC ATT TTT GGA GGT GAA ATC AAG ACT CAC ATC CTG CTG		798
Thr Ala Lys Ile Phe Gly Glu Ile Lys Thr His Ile Leu Leu		
230 235 240		
TTC TTG CCC AAC AGT GTG TCT GAC TAT GAC GGC AAA CTG AGC AAC TTC		846
Phe Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Try Asp Gly Lys Leu Ser Asn Phe		

31	32
245	250
255	255
AAA ACA GCA GCC GAG AGC TTC AAG GGC AAG ATC CTG TTC ATC TTC ATC	894
Lys Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe Ile Phe Ile	
260	265
270	270
GAC ACC GAC CAC ACC GAC AAC CAG CGC ATC CTC GAG TTC TTT GCC CTG	942
Asp Ser Asp His Thr Asp Asn Gln Arg Ile Leu Gln Phe Phe Gly Leu	
275	280
285	290
AAG AAG GAA GAG TGC CCG GCC GTG CGC CTC ATC ACC CTG GAG GAG	990
Lys Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu Glu Glu Glu	
295	300
305	305
ATG ACC AAG TAC AAG CCC GAA TGC GAG GAG CTG ACC GCA GAC AGG ATC	1038
Met Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala Glu Arg Ile	
310	315
320	320
ACA GAG TTC TGC CAC CGC TTC CTG GAG GGC AAA ATC AAG CCC CAC CTG	1086
Thr Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys Pro His Leu	
325	330
335	335
ATG AGC CAG GAG CTG CGG GAC TGG GAC AAG CAG CCT GTC AAG GTG	1134
Met Ser Gln Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Glu Pro Val Lys Val	
340	345
350	350
CTT GTT GGG AAG AAC TTT GAA GAC GTC GCT TTT GAT GAG AAA AAA AAC	1182
Leu Val Glu Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu Lys Lys Asn	
355	360
365	370
GTC TTT GTG GAG TTC TAT GCC CCA TGG TGT GGT CAC TGC AAA CAG TTG	1230
Val Phe Val Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Glu His Cys Lys Glu Leu	
375	380
385	385
GCT CCC ATT TGG GAT AAA CTG GGA GAG AGC TAC AAG GAC CAT GAG AAC	1278
Ala Pro Ile Trp Asp Lys Leu Glu Glu Thr Tyr Lys Asp His Glu Asn	
390	395
400	400
ATC GTC ATC GCC AAG ATG GAC TCG ACT GCC AAC GAG GTC GAT GCC GTC	1326
Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val Glu Ala Val	
405	410
415	415
AAA GTG CAC AGC TTC CCC ACA CTC AAG TTC TTT CCT GCC AGT GCC GAC	1374
Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala Ser Ala Asp	
420	425
430	430
AGG ACG GTC ATT GAT TAC AAC GGG GAA CGC ACG CTG GAT GGT TTT AAG	1422
Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Glu Arg Thr Leu Asp Glu Phe Lys	
435	440
445	450
AAA TTC CTG GAG AGC GGT GCC CAG GAT GGG GCA GGG GAT GAT GAC GAT	1470
Lys Phe Leu Glu Ser Glu Gly Glu Asp Glu Ala Gly Asp Asp Asp Asp	
455	460
465	465
CTC GAG GAC CTG GAA GAA GCA GAG GAG CCA GAC ATG GAG GAA GAC GAT	1518
Leu Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu Glu Asp Asp	
470	475
480	480
GAT CAG AAA CCT GTG AAA GAT GAA CTG	1545
Asp Glu Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu	
485	490

配列番号: 3

配列の長さ: 491

配列の型: アミノ酸

配列

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: タンパク質

33

34

Gly Ala Pro Glu Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Leu Arg Lys Ser Asn
 1 5 10 15
 Phe Ala Glu Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe Tyr
 20 25 30
 Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala Lys
 35 40 45
 Ala Ala Gly Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala Lys
 50 55 60
 Val Asp Ala Thr Glu Glu Ser Asp Leu Ala Glu Glu Tyr Gly Val Arg
 65 70 75 80
 Gly Tyr Pro Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser Pro
 85 90 95
 Lys Glu Tyr Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp Leu
 100 105 110
 Lys Lys Arg Thr Gly Pro Ala Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala Ala
 115 120 125
 Ala Glu Ser Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe Phe
 130 135 140
 Lys Asp Val Glu Ser Asp Ser Ala Lys Glu Phe Leu Glu Ala Ala Glu
 145 150 155 160
 Ala Ile Asp Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val Phe
 165 170 175
 Ser Lys Tyr Glu Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys Phe
 180 185 190
 Asp Glu-Gly Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn Leu
 195 200 205
 Leu Asp Phe Ile Lys His Asn Glu Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe Thr
 210 215 220
 Glu Glu Thr Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His Ile
 225 230 235 240
 Leu Leu Phe Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu Ser
 245 250 255
 Asn Phe Lys Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe Ile
 260 265 270
 Phe Ile Asp Ser Asp His Thr Asp Asn Glu Arg Ile Leu Glu Phe Phe
 275 280 285
 Gly Leu Lys Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu Glu
 290 295 300
 Glu Glu Met Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala Glu
 305 310 315 320
 Arg Ile Thr Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys Pro
 325 330 335
 His Leu Met Ser Gin Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Glu Pro Val
 340 345 350
 Lys Val Leu Val Glu Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu Lys
 355 360 365
 Lys Asn Val Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys Lys
 370 375 380
 Glu Leu Ala Pro Ile Trp Asp Lys Leu Glu Thr Tyr Lys Asp His
 385 390 395 400

35

36

Glu Asn Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val Glu
 405 410 415
 Ala Val Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Pro Ala Ser
 420 425 430
 Ala Asp Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp Gly
 435 440 445
 Phe Lys Lys Phe Leu Glu Ser Gly Gly Glu Asp Gly Ala Gly Asp Asp
 450 455 460
 Asp Asp Leu Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu Glu
 465 470 475 480
 Asp Asp Asp Glu Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu
 485 490

【図面の簡単な説明】

【図1】第1図Aは、発現プラスミド pAHbPDIly1 の構築工程図を示す。

【図2】第1図Bは、発現プラスミド pAHbPDIly1 の構築工程図を示す。

【図3】第1図Cは、発現プラスミド pAHbPDIly1 の構築工程図を示す。

【図4】第2図は、ヒト発現プラスミド上のHSAブレプロ配列とPDIの境界部を示す図である。

【図5】第3図は、発現・分泌された粗組換えヒトPDIの SDS電気泳動結果を示す写真である、ここでレーン1は分子量マーカー、レーン2はpAH/AB22 (コントロール)、レーン3はpAHbPDIly1/AB22を示す。

【図6】第4図は、疎水性カラムクロマトグラフィーに

よる粗組換えヒトPDIの分離を示す図である。

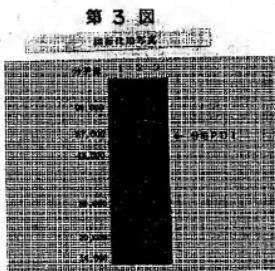
【図7】第5図は、精製組換えヒトPDIのSDS電気泳動結果を示す図であり、図面中、下側の数字は第4図に示す疎水性カラムクロマトグラフィーの分画番号を、またMは分子量マーカーを示す。

【図8】第6図は、酵母HIS23におけるヒトPDIの発現を示す電気泳動写真である。

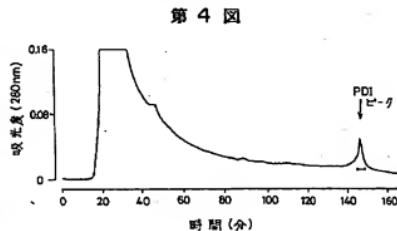
【図9】第7図は、酵母HIS23におけるヒトPDIとHSAとの共発現によるHSA分離を示すSDS電気泳動写真である。

【図10】第8図は、第7図のSDS電気泳動ゲルを用いてHSA分離量をデジタルメーターで定量化した結果を示す図である。

【図5】

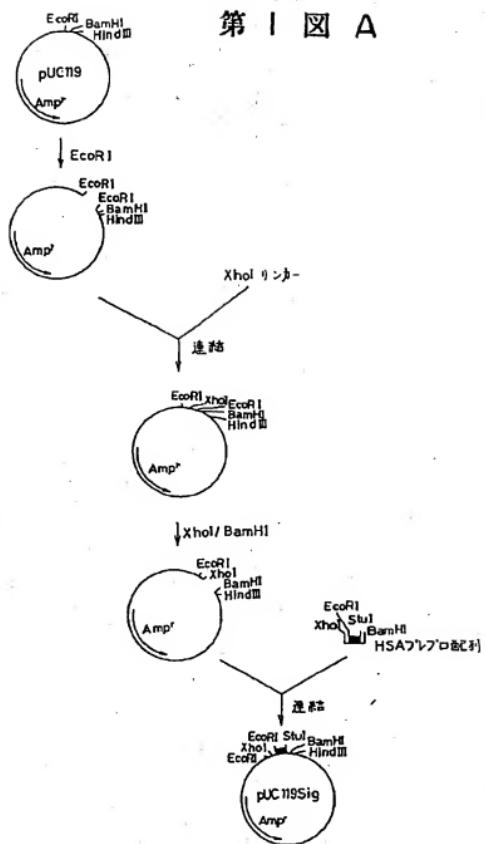


【図6】



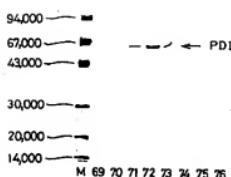
【図1】

第1図 A



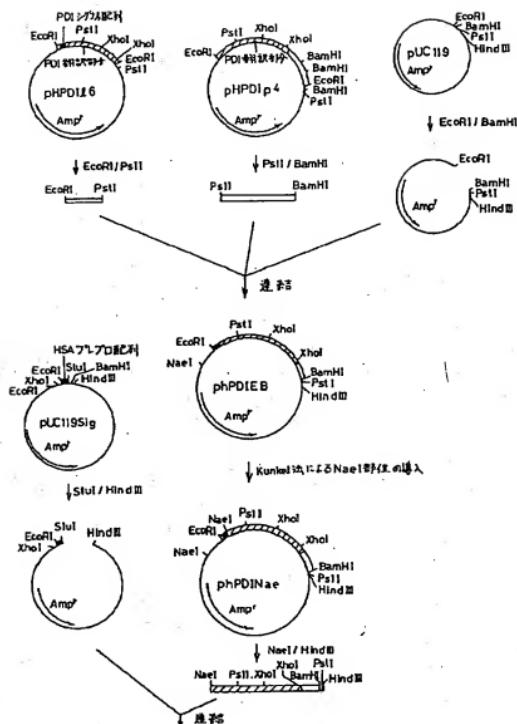
【図7】

第5図



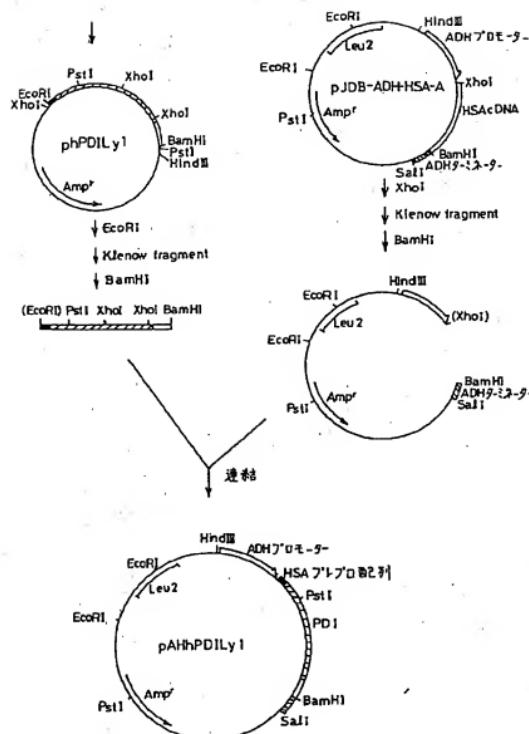
[図2]

第1図B



【図3】

第1図C



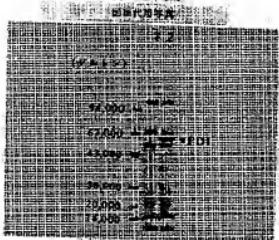
【図4】

第2図

ATG AAG TGG GT ACC TTC ATC TCT TGG TCC TTS TCC TCT TGT GCT TAC TGT GAT
 ...Net Lys Thr Val Thr Phe Ile Ser Leu Leu Phe Lys Arg Gly Val Thr Arg Arg Ala Pro Glu Glu Glu Asp His...

【図8】

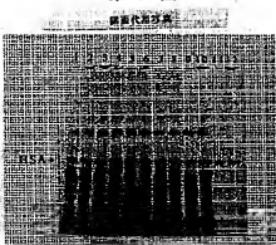
第6図



1 : pAH/HIS23
2 : pAHhPDILy1/HIS23

【図9】

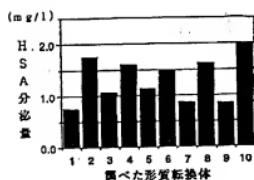
第7図



1, 3, 5, 7, 9 : pAH/HIS23
2, 4, 6, 8, 10 : pAHhPDILy1/HIS23
11 : HSA標準 0.25 μg
12 : HSA標準 0.5 μg

【図10】

第8図



1, 3, 5, 7, 9 : pAH/HIS23
2, 4, 6, 8, 10 : pAHhPDILy1/HIS23

【手続補正書】

【提出日】平成5年3月2日

【手続補正1】

【補正対象書類名】明細書

【補正対象項目名】図面の簡単な説明

【補正方法】変更

【補正内容】

【図面の簡単な説明】

【図1A】 第1図Aは、発現プラスミドpAHhPD1Ly1の構築工程図を示す。

【図1B】 第1図Bは、発現プラスミドpAHhPD1Ly1の構築工程図を示す。

【図1C】 第1図Cは、発現プラスミドpAHhPD1Ly1の構築工程図を示す。

【図2】 第2図は、ヒト発現プラスミド上のHSAプレプロ配列とPDIの境界部を示す図である。

【図3】 第3図は、発現・分秘された粗組換えヒトPDIのSDS電気泳動結果を示す写真であり、ここでレーン1は分子量マーカー、レーン2はpAH/AH22(コントロール)、レーン3はpAHhPDI Ly1/A22を示す。

* 【図4】 第4図は、珠水性カラムクロマトグラフィーによる粗組換えヒトPDIの分離を示す図である。

【図5】 第5図は、精製粗組換えヒトPDIのSDS電気泳動結果を示す図であり、図面中、下側の数字は第4図に示す珠水性カラムクロマトグラフィーの分画番号を、またMは分子量マーカーを示す。

【図6】 第6図は、酵母HIS23におけるヒトPDIの発現を示す電気泳動写真である。

【図7】 第7図は、酵母HIS23におけるヒトPDIとHSAとの共発現によるHSA分離を示すSDS電気泳動写真である。

【図8】 第8図は、第7図のSDS電気泳動ゲルを用いてHSA分離量をデンシティメーターで定量化した結果を示す図である。

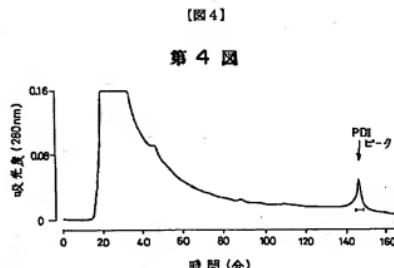
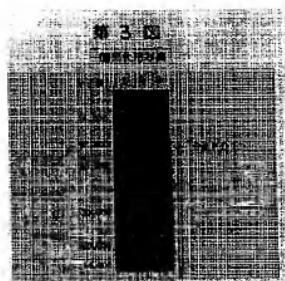
【手続補正2】

【補正対象書類名】図面

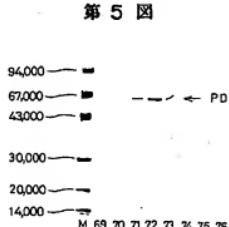
【補正対象項目名】全図

【補正方法】変更

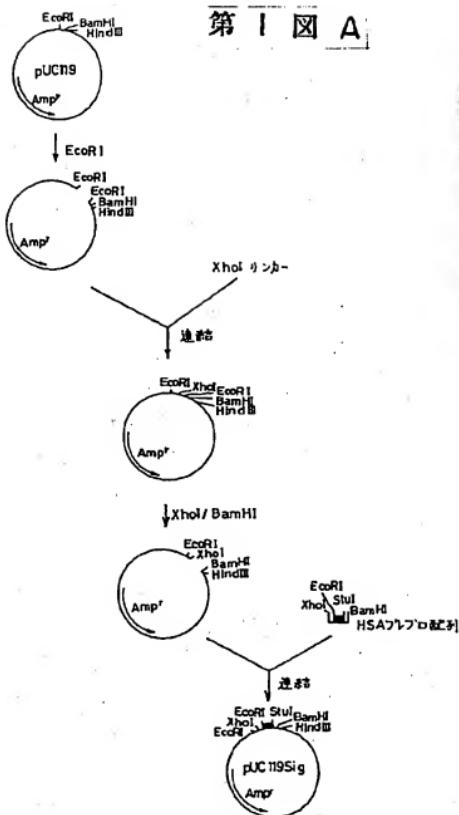
【補正内容】



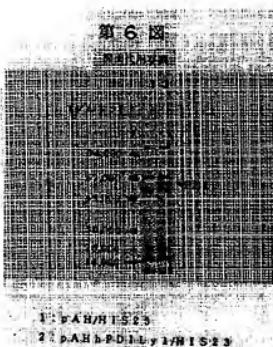
【図5】



【図1A】

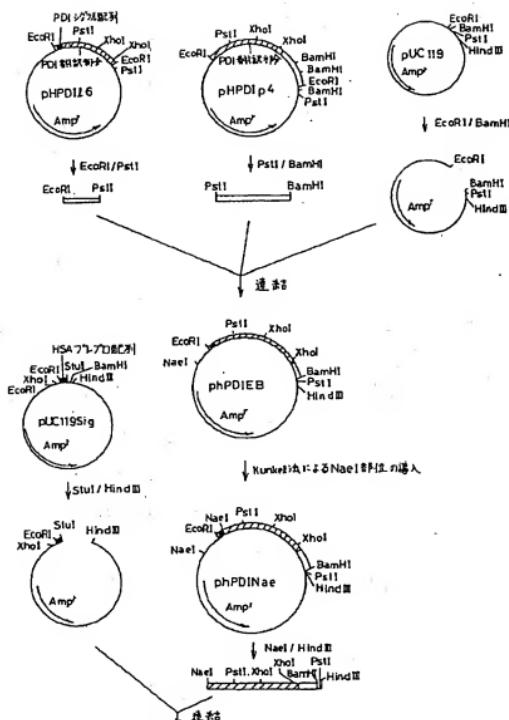


【図6】



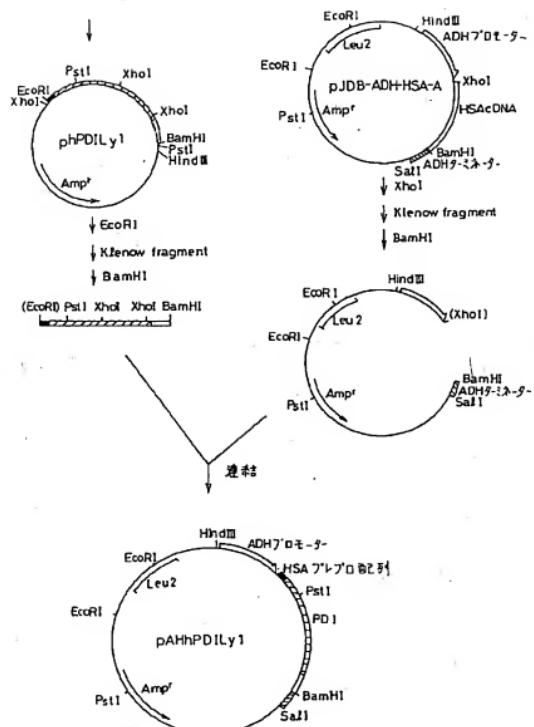
[図1B]

第1図B



【図1C】

第1図C



【図2】

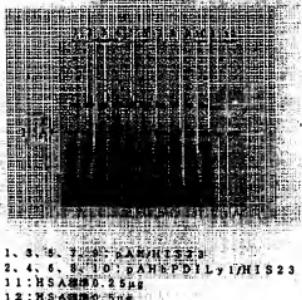
第2図

ATG AAG TGG TGT ACC TTC ATC TCT TGG TTC TGG TTC TCT TGT CCT TAC TGT
 ... Met Lys Tyr Val Thr Phe Ile Ser Leu Leu Phe Ser Ala Thr Arg Val Phe Arg Gly Val Phe Arg Glu Asp His...

【図7】

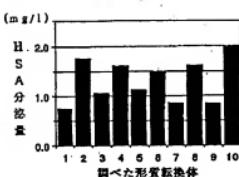
第7図

表面化粧多孔質



【図8】

第8図



1、3、5、7、9: pAH/HIS23
 2、4、6、8、10: pAHhPDIy1/HIS23

フロントページの続き

(51) Int. Cl. 5 識別記号 廣内整理番号 F I 技術表示箇所

C 12 N 15/12	C 8214-4B	
C 12 P 21/02		
// G 01 N 30/00	8310-2J	
(C 12 N 1/19		
C 12 R 1:865)		
(C 12 N 9/90		
C 12 R 1:865)		
(C 12 P 21/02		
C 12 R 1:865)		

(72) 発明者 鈴木 正則

埼玉県入間郡大井町西鶴ヶ岡一丁目3番1
 号 東燃株式会社総合研究所内